

Fig. 1

T416	1651	GAAGAAGATCTGAGTATAGTTTGACTGTAATCGCTGAGGACAGGGGGAC	1700
AL137471	1	...AAGAGATCTGAGTATAGTTTGACTGTAATCGCTGAGGACAGGGGGAC	47
T416	1701	ACCCAGTCTCTCTACAGTGAAACATTTTACAGTTCAAATCAATGATATCA	1750
AL137471	48	ACCCAGTCTCTCTACAGTGAAACATTTTACAGTTCAAATCAATGATATCA	97
T416	1751	ATGACAAATCCACCCCACTTCCAGAGAAGCCGATATGAATTTGTAAATTTCA	1800
AL137471	98	ATGACAAATCCACCCCACTTCCAGAGAAGCCGATATGAATTTGTAAATTTCA	147
T416	1801	GAATAATAACTCACCCAGGGGCATATATCACCACTGTTACAGCCACAGATCC	1850
AL137471	148	GAATAATAACTCACCCAGGGGCATATATCACCACTGTTACAGCCACAGATCC	197
T416	1851	TGATCTTGGAGAAAATGGGCAAGTGACATACACCATCTTGGAGAGTTTAA	1900
AL137471	198	TGATCTTGGAGAAAATGGGCAAGTGACATACACCATCTTGGAGAGTTTAA	247
T416	1901	TTCTAGGAAGTTCCATAAATACATATGTAAACCATTGACCCCATCTAATGGA	1950
AL137471	248	TTCTAGGAAGTTCCATAAATACATATGTAAACCATTGACCCCATCTAATGGA	297

FIG. 2A

```

T416      1951 GCCATCTATGCCCTCAGAACTCTTTGATCATGAAGAAAGTGAGTCAGATCAC 2000
AL137471   |||||
           298 GCCATCTATGCCCTCAGAACTCTTTGATCATGAAGAAAGTGAGTCAGATCAC 347
T416      2001 TTTTGTGTAGAAAGCAAGAGATGGAGGAAGCCCGAAAGCAACTGGTAAGCA 2050
AL137471   |||||
           348 TTTTGTGTAGAAAGCAAGAGATGGAGGAAGCCCGAAAGCAACTGGTAAGCA 397
T416      2051 ATACCACAGTTGTGCTCACCATCATTTGACGAAATGACAAACGTTCCCTGTG 2100
AL137471   |||||
           398 ATACCACAGTTGTGCTCACCATCATTTGACGAAATGACAAACGTTCCCTGTG 447
T416      2101 GTTATAGGGCCTGCATTGCGTAATAATACGGCAGAAATCACCATTTCCCAA 2150
AL137471   |||||
           448 GTTATAGGGCCTGCATTGCGTAATAATACGGCAGAAATCACCATTTCCCAA 497
T416      2151 AGGGGCTGAAAAGTGGCTTTTCATGTCACAAGAAATAAGGGCAATTGACAGAG 2200
AL137471   |||||
           498 AGGGGCTGAAAAGTGGCTTTTCATGTCACAAGAAATAAGGGCAATTGACAGAG 547
T416      2201 ACTCTGGTGTGAATGCTGAACTCAGCTGCGCCCATAGTAGCAGGTAATGAG 2250
AL137471   |||||
           548 ACTCTGGTGTGAATGCTGAACTCAGCTGCGCCCATAGTAGCAGGTAATGAG 597
```

FIG. 2B

T416	2251	GAGAAATATCTTTCATAAATTGATCCACGATCATGTGACATCCATACCAACGT	2300
AL137471	598	GAGAAATATCTTTCATAAATTGATCCACGATCATGTGACATCCATACCAACGT	647
T416	2301	TAGCATGGATTCTGTTCCTTACACAGAAATGGGAGCTGTCAAGTATCATTC	2350
AL137471	648	TAGCATGGATTCTGTTCCTTACACAGAAATGGGAGCTGTCAAGTATCATTC	697
T416	2351	AGGACAAAAGGCAATCCTCAGCTACATACCAAAAGTCCCTTCTGAAGTGCAATG	2400
AL137471	698	AGGACAAAAGGCAATCCTCAGCTACATACCAAAAGTCCCTTCTGAAGTGCAATG	747
T416	2401	ATCTTTGAATATGCAGAGTCGGTGACAAAGTACAGCAATGACTTCAGTAAG	2450
AL137471	748	ATCTTTGAATATGCAGAGTCGGTGACAAAGTACAGCAATGACTTCAGTAAG	797
T416	2451	CCAGGCATCCTTGGATGTCTCCATGATAATAATTATTTCCCTTAGGAGCAA	2500
AL137471	798	CCAGGCATCCTTGGATGTCTCCATGATAATAATTATTTCCCTTAGGAGCAA	847
T416	2501	TTTGTGCAGTGTGTGCTGGTTATTATGGTGCTATTTGCAACTAGGTGTAAAC	2550
AL137471	848	TTTGTGCAGTGTGTGCTGGTTATTATGGTGCTATTTGCAACTAGGTGTAAAC	897

FIG. 2C

T416	2551	CGCGAGAAAGAAAGACACTAGATCCTTATACTGCAGGGTGGCCGAATCAAC	2600
AL137471	898	CGCGAGAAAGAAAGACACTAGATCCTTATACTGCAGGGTGGCCGAATCAAC	947
T416	2601	TTACCAGCACCCCAAAAAGGCCATCCCGGCAGATTCACAAAGGGGACA	2650
AL137471	948	TTACCAGCACCCCAAAAAGGCCATCCCGGCAGATTCACAAAGGGGACA	997
T416	2651	TCACATTGGTGCCCTACCATAAATGGCAGCTCTGCCCATCAGATCTCATCAC	2700
AL137471	998	TCACATTGGTGCCCTACCATAAATGGCAGCTCTGCCCATCAGATCTCATCAC	1047
T416	2701	AGATCGTCTCCAATCTTCATCTCCTACCTTAGAAAAGAGGGCAGATGGGCAG	2750
AL137471	1048	AGATCGTCTCCAATCTTCATCTCCTACCTTAGAAAAGAGGGCAGATGGGCAG	1097
T416	2751	CCGGCAGAGTCACAAACAGTCACCAGTCACCTCAACAGTTTGGTGACAATCT	2800
AL137471	1098	CCGGCAGAGTCACAAACAGTCACCAGTCACCTCAACAGTTTGGTGACAATCT	1147
T416	2801	CATCAAACCCACGTGCCAGAGAAATTCTCATTTAGAACTCACCCACGCCACT	2850
AL137471	1148	CATCAAACCCACGTGCCAGAGAAATTCTCATTTAGAACTCACCCACGCCACT	1197

FIG. 2D

T416	2851	CCTGCTGTTGAGCAGGTCCTCTCAGCTTCTTTCAATGCTTCACCCAGGGGCA	2900
AL137471	1198	CCTGCTGTTGAGCAGGTCCTCTCAGCTTCTTTCAATGCTTCACCCAGGGGCA	1247
T416	2901	ATATCAGCCAAAGACCAAGTTTTCGAGGAAACAAATATTCAGGAGCTACA	2950
AL137471	1248	ATATCAGCCAAAGACCAAGTTTTCGAGGAAACAAATATTCAGGAGCTACA	1297
T416	2951	GATATGCCCTTCAAGACATGGACAAAATTTAGCTTGAAAGACAGTGGCCGT	3000
AL137471	1298	GATATGCCCTTCAAGACATGGACAAAATTTAGCTTGAAAGACAGTGGCCGT	1347
T416	3001	GGTGACAGTGAGGCAGGACAGACAGTGATTAATGATTTGGGGCGAGATTCTCC	3050
AL137471	1348	GGTGACAGTGAGGCAGGACAGACAGTGATTAATGATTTGGGGCGAGATTCTCC	1397
T416	3051	AATAGATAGGCTGCTGGGTGAAGGATTCAGCGACCTGTCTCTCACAGATG	3100
AL137471	1398	AATAGATAGGCTGCTGGGTGAAGGATTCAGCGACCTGTCTCTCACAGATG	1447
T416	3101	GAAGAATTCACGACGCTATGAGACTCTGCACGGAGGAGTGCAGGGTCCCTG	3150
AL137471	1448	GAAGAATTCACGACGCTATGAGACTCTGCACGGAGGAGTGCAGGGTCCCTG	1497

FIG. 2E

T416	3151	GGACACTCTGACACAGTGGCTGGATGCCACCACTGCCCCCTCACCGTCTTCTGA	3200
AL137471	1498	GGACACTCTGACACAGTGGCTGGATGCCACCACTGCCCCCTCACCGTCTTCTGA	1547
T416	3201	TTATAGGAGTAACATGTTTCATTTCCAGGGGAAGAAATCCCCAACGCAACCCC	3250
AL137471	1548	TTATAGGAGTAACATGTTTCATTTCCAGGGGAAGAAATCCCCAACGCAACCCC	1597
T416	3251	AGCAGCAGCATCCACATCAGAGTCTTGAGGATGACGCTCAGCCTGCAGAT	3300
AL137471	1598	AGCAGCAGCATCCACATCAGAGTCTTGAGGATGACGCTCAGCCTGCAGAT	1647
T416	3301	TCCGGTGAAAAGAAAGAGATTTTCCACCTTTGGAAAGGACTCCCCAAA	3350
AL137471	1648	TCCGGTGAAAAGAAAGAGATTTTCCACCTTTGGAAAGGACTCCCCAAA	1697
T416	3351	CGATGAGGACACTGGGGATACCAGCACATCATCTCTGCTCTCGGAAATGA	3400
AL137471	1698	CGATGAGGACACTGGGGATACCAGCACATCATCTCTGCTCTCGGAAATGA	1747
T416	3401	GCAGTGTGTCCAGCGTCTCTTACCGCCTTCCCCTGGACACCTATTCTGAA	3450
AL137471	1748	GCAGTGTGTCCAGCGTCTCTTACCGCCTTCCCCTGGACACCTATTCTGAA	1797

FIG. 2F

T416	3451	TGCAGTGAGGTGGATCGGTCCAACTCCCTGGAGCGCAGGAAGGACCCCTT	3500
AL137471	1798	TGCAGTGAGGTGGATCGGTCCAACTCCCTGGAGCGCAGGAAGGACCCCTT	1847
T416	3501	GCCAGCCAAAACCTGTGGGTACCCACAGGGGGTAGCGGCATGGGCAGCCA	3550
AL137471	1848	GCCAGCCAAAACCTGTGGGTACCCACAGGGGGTAGCGGCATGGGCAGCCA	1897
T416	3551	GTACGCAATTTCAAAATCCCAACCACTGTGGCCCGCCACTTGGAACCT	3600
AL137471	1898	GTACGCAATTTCAAAATCCCAACCACTGTGGCCCGCCACTTGGAACCT	1947
T416	3601	CACCTCCAGTGTGCAGCCTTCTTCAAAATGGCTGCCAGCCATGGAGGAGAT	3650
AL137471	1948	CACCTCCAGTGTGCAGCCTTCTTCAAAATGGCTGCCAGCCATGGAGGAGAT	1997
T416	3651	CCCTGAAAATTTATGAGGAAGATGATTTTGACAAATGTGCTCAACCACCTCA	3700
AL137471	1998	CCCTGAAAATTTATGAGGAAGATGATTTTGACAAATGTGCTCAACCACCTCA	2047
T416	3701	ATGATGGGAAAACACGAACTCATGGATGCCAGTGAACTGGTGGCAGAGATT	3750
AL137471	2048	ATGATGGGAAAACACGAACTCATGGATGCCAGTGAACTGGTGGCAGAGATT	2097

FIG. 2G

T416	3751	AACAAACTGCTTCAAGATGTCCGCCAGAGCTAGGAGATTTTAGCGAAGCA	3800
AL137471	2098	AACAAACTGCTTCAAGATGTCCGCCAGAGCTAGGAGATTTTAGCGAAGCA	2147
T416	3801	TTTTTGTTCCTCATGTATATGGAAATAGGGAACAACAACAACAAAAAA	3850
AL137471	2148	TTTTTGTTCCTCATGTATATGGAAATAGGGAACAACAACAACAAAAAA	2197
T416	3851	CCCTGAAAGAACTGGCATTGCCAAATAGTTGCATTTATCATAAATGTGTC	3900
AL137471	2198	CCCTGAAAGAACTGGCATTGCCAAATAGTTGCATTTATCATAAATGTGTC	2247
T416	3901	TGTGTATATTGAATATATAAATACTGTATTTTCGTATGTACACAAATGCAAG	3950
AL137471	2248	TGTGTATATTGAATATATAAATACTGTATTTTCGTATGTACACACAAAAAA	2297
T416	3951	TGTGATTATTTTAAATCTGTATTTTAAATAATACATTTGTACCTTATATTA	4000
AL137471	2298	AAAG.....	2338

FIG. 2H

T416	1	...	ATGCACC	AAATG	..	AATGCT	AAAA	TGCAC	TTTAG	GT	TTT	TGCA	45
m-PC	1	ATGAT	GCTAC	TCT	CTG	CCATT	CCT	GCTAG	GGCT	CTT	AGG	CCAG	50
T416	46	CTTCT	GATAG	TATCT	TTCA	ACCAC	GATG	TACT	GGCA	...	AGA	ATT	92
m-PC	51	CT..	TGTTCA	TTT	CAGG	GGATT	TGTC	AGG	AGT	GGCC	ACTG	TCA	98
T416	93	ATAC	AGGAT	TTAT	GAGG	AAAC	AGAG	GGTT	GGAT	CAGT	AA	TGCA	142
m-PC	99	ATT	CCA	AGT	GAC	AGAG	GAAG	TGCC	CGT	CTG	GCAC	GGT	148
T416	143	CAG	AGGAT	GTGG	CTG	ATG	TTT	TATT	GAA	GCTT	CC	TAA	192
m-PC	149	CCCA	AGAACT	..	AAG	A	GTGG	AGG	AGAG	CGCG	TGG	GAAG	193
T416	193	CGAT	TT	CGAG	CCCAT	G	CAGAG	GGG	AAAT	TCT	CT	CTACT	242
m-PC	194	CCT	TCC	AGAT	TC	TGC	AGCT	GCCT	CAGG	CACT	GCC	GGT	242

FIG. 3A

T416	243	GGATAATGGGAAATCAGCATAGGGGCTACAATTGACCGTGAACTGT	292
m-PC	243	TGAGGACGGCCTGCTCAGCACTTCCAGCCGGCTGGATCGGAGAAGCTAT	292
T416	293	GCCAGAAAACTTGAACGTGTCCATAGAGTTTGATGTGATCACTCTACCC	342
m-PC	293	GTCCGCAGGAAGATCCCTGTCTGGTGTCAATTGACGTG.....CTTGCC	336
T416	343	ACA.GAGCATCTGCAGCTTTTCCATATTGAAGTTGAAGTGCTGGATATTA	391
m-PC	337	ACAGGGCGTCTGC.TCTAATTCAATGTGGAGATTCAGGTGCTAGACATCA	385
T416	392	ATGACAAATCTCCCCAGTTTTC AAGATCTCTCATACCTATTGAGATATCT	441
m-PC	386	ATGACCACCCAGCCACAGTTTCCCAAAGACGAGCAGGAACTGGAAATCTCA	435
T416	442	GAGAGTGCAGCAGTTGGGACTCGCAATCCCCCTGGACAGTGCAATTGATCC	491
m-PC	436	GAGAGTGCCCTCTCTGCACACACGAATCCCCCTTGGACAGAGCTCTTGACCA	485

FIG. 3B

T416	492	AGATGTTGGGAAATTCCTCCACACATACTCGCTCTCTGCCAATGATT	541
m-PC	486	AGACACGGGTCTAACAGCTTATATTCCTACTCCCTGTCTCCCAGTGAAC	535
T416	542	TTTTTAATATCGAGGTTTCGGACCCAGGACTGATGGAGCCCAAGTATGCAGAA	591
m-PC	536	ACTTGGCCCTGGATGTATTGTGGCCCTGATGAGACCAACATGCAGAG	585
T416	592	CTCATAGTGGTCAGAGAGTTAGATCGGGAGCTGAAGTCAAGCTACGAGCT	641
m-PC	586	CTTGTGGTGGTGAAGGAGTTGGACAGGGAACCTCCACTCATATTTTGATCT	635
T416	642	TCAGCTCACTGCCCTCAGAC.ATGGGAGTACCTCAGAGGTC.TGGCTCATCC	690
m-PC	636	GGTGCTGACCGCCCTATGACAAATGGGAAT.CCCCCTAAGTCAGGAATCAGC	684
T416	691	ATACTAAAAATAAGCATTTTCAGACTCCCAATGACAAACAGCCCCCTGCTTTTGA	740
m-PC	685	GTGGTCAAGGTCAATGTCTCTGGACTCCAATGACAAATAGTCCAGTGTTCG	734

FIG. 3C

T416	741	GCAGCAATCTTATATAATAACAACCTCTTAGAAAACTCCCCGGTTGGCACTT	790
m-PC	735	TGAGAGTTCACTAGCACTAGAAATCCCAGAAAGACACTGTTCTCTGGTACTC	784
T416	791	TGCTCTTAGATCTGAATGCCACGGATCCAGATGAGGGCGCTAATGGGAAA	840
m-PC	785	TTCTCATAAACCTGACTGCTACAGATCCCGACCAAGGACCCCAATGGGGAG	834
T416	841	ATTGTATATTCCCTTCAGCAGTCATGTGTCTCCCAAAATTATGGAGACTTT	890
m-PC	835	GTAGAGTTCTTCTTTGGCAAGCATGTGTCCCCCAGAGGTGATGAACACCTT	884
T416	891	TAAAAATTGATTCTGAAAGAGGACATTTGACTCTTTTCAAGCAAGTGGATT	940
m-PC	885	TGGCATAGATGCCAAGACAGAGGCCAGATCATTTCTGCGCCCAAGCCCTAGATT	934
T416	941	ATGAAATCACCCAAATCCCTATGAGATTGATGTTTCAGGCTCAAGATTTGGGT	990
m-PC	935	ACGAGAAAGAACCCCTGCTATGAGGTGGATGTCCAGGCAAGGATTTGGGT	984

FIG. 3D

T416	991	CCAAATTCAATCCAGCCCATTTGCAAAATTATAATTAAAGTTGTGGATGT	1040
m-PC	985	CCCAATTCCATCCAGGCCATTGCAAAAGTTCTTATCAAAAGTTCTGGATGT	1034
T416	1041	TAATGACAAATAAACCTGAAATTAAACATCAACCTCATGTCCCCTGGAAAAG	1090
m-PC	1035	CAATGACAAATGCCCC.....AAGCATCCTCATCACGT....GGGCCTCC	1074
T416	1091	AAGAAATATCTTATATTTTGAAGGGGATCCTATTGATACATTTGTGCT	1140
m-PC	1075	CAGACGTCGCT..GGTGTCAAGAAAGATCTTCCAGGGATAGCTTCATTGCC	1122
T416	1141	TTGGTCAGAGTTCAGGACAAGGATTCCTGGGCTGAATGGAGAAATAGTTTG	1190
m-PC	1123	CTTGTCAAGTCCGAATGACTTGGACTCAGGAAACAACGGTCTCGTCCACTG	1172
T416	1191	TAAGCT...TCATGGACATGGTCACCTTTAAACTTCAGAAAGACATATGAAA	1237
m-PC	1173	TTGGCTGAATCAAGAGCTGGGCCACTTCAGACTGAAAAGGACTAACGGCA	1222

FIG. 3E

T416	1238	ACAATTATTTAATCTTAATAATGCCACACTGGATAGAGAAAAGAGATCT	1287
m-PC	1223	ACACGTACATGCTGCTCACCAATGCCACACTGGACACAGAGCAGTGGCCC	1272
T416	1288	GAGTATAGTTTGACTGTAAATCGCTGAGGACAGGGGACACCCAGTC..TC	1335
m-PC	1273	ATATATACTCTCACTGTGTGTGCCCCAAGAC.CAAGGAC.CCCAGCCCCTTA	1320
T416	1336	TCTACAGTGAAACATTTTACAGTTCAAAATCAATGATATCAATGACAAATCC	1385
m-PC	1321	TCAGCTGAGAAGGAGCTCCAAATTCAGGTTAGTGTCAATGACAAATGC	1370
T416	1386	ACCCCACTTCCAGAGAAGCCGATATGAATTTGTAATTCAGAAAATAACT	1435
m-PC	1371	CCCTGTGTTTGAGAAAGAGCCGGTACGAGGTCTCCACTTGGGAAAATAACC	1420
T416	1436	CACCAGGGGCATATATCACCCACTGTGTACAGCCACAGATCCTGATCTTGGA	1485
m-PC	1421	CACCCCTCTCTTCACCTCATCACGCTCAAAGCGCATGATGCTGACTTGGGC	1470

FIG. 3F

T416	1486	GAAAAATGGGCAAGTGACATACACCATCTTGA.GAGTTTATTTCT.AGGA	1533
m-PC	1471	AGTAATGGAAAGTGTCATACCGTATCAAGGACTCCCCCGTTTCTCACTT	1520
T416	1534	AGTTCATAA [.] CTACATATGTAA [.] CCCATCTAA [.] TGGAGCCAT	1580
m-PC	1521	AGT..CATTATTGACTTTGAAACAGGAGAA [.] GTCACTGCTCAGAGGTCACT	1568
T416	1581	...CTATGCC [.] ...TCAGAAATCTTTGA.. [.] TC...ATGA.AGAAGTGAGTC	1618
m-PC	1569	GGACTATGAACACAGATGGCAGGCTTTGAGTTC [.] CAGGTGATAGCAGAG.GAC	1617
T416	1619	AGATCAC.TTTTGTGGTAGAAGCAAGAGATGGAGGAAGCCCGAAGCAACT	1667
m-PC	1618	AGAGGGCAACCCAGCTCGCATCCAG.CATCTCGGTGTGGGTTAGCCTCT	1666
T416	1668	GGTAAGC.....AATACCCACAGTTGTG.CTCACC.....ATCATTTGAC	1704
m-PC	1667	TGGATGCCCAATGATAATGCCCCAGAAAGTGATTCAGCCCTGTGCTCAGTGAA	1716

FIG. 3G

Applicant: Christopher C. Fraser, et al.

Title: ANTI-TANGO294 ANTIBODIES AND USES THEREOF (as amended)

Attorney/Agent: Mario Cloutier

Docket No.: MPI2000-535OMN1CN1M

Replacement Sheet 17 of 213

T416	1705	GAAATGACAAACGTTCCCTGTGGTTATA.....GGGCC.....	1736
m-PC	1717	GGCAAAGCCACCCCTTTCGGTGCTTGTAATGCCCTCCACGGGCCACCTTCT	1766
T416	1737	..TG..CATTGCGTA.....AT.AATACGGCAGAAATCACCATTCTC	1771
m-PC	1767	GTTGCCCATTGAGAAATCCACAGTGGCATGGATCCAGCAGGTACTGGTATAC	1816
T416	1772	..CCAAAGG.GGCTGAAAG...TGG.CTTT.CATGTCACAAGAATAAGG	1812
m-PC	1817	CACCAAAGGCTACCCACAGCCCCCTGGTCTTTCCCTTTTGTAAACAATCGTG	1866
T416	1813	GCAATTGACAGAGACTCTGGTGTAATGCTGAACCTCAGCTGCGCCATAGT	1862
m-PC	1867	GCTAGGGATGCAGACTCGGGGGCCAAATGGGGAACCTCTCTACAGCATTC	1916
T416	1863	AGCAGGTAATGAGGAGAAATATCTTCATAATTGATCCACGATCATGTGACA	1912
m-PC	1917	AAGTGGGAATGATGCTCATCTCTT.TTTCCTCAGCC.CTTCCTTGGGGCA	1964

FIG. 3H

T416	1913	TCCAT..ACCAACGTTAGC.ATGGATTCTGTTCCTACACAG..AATGGG	1957
m-PC	1965	GCTATTCAATTAATGTCACCAATGCCAGCAGCCTCATCGGGAGTCAGTGGG	2014
T416	1958	AGCTGTCAGTTATCATTCAGGACAAAGGCAATCCTCAGCTACATACCAA	2007
m-PC	2015	ACCTGGGGATAGTGGTAGAGGACCCAGGGCAGCCCTCCTTGCAGACCCAA	2064
T416	2008	GTCCCTTCTGAAGTGCATGATCTTTGAATATGCAGAGTCGGTGACAAAGTAC	2057
m-PC	2065	GTTTCATTGAAGGTCGTG...TTTG..TCACCAGTGT..GGACCACCTAA	2107
T416	2058	AGCAATGACTTCAGTAAGCCAGGCATCCTTGGATGTCTCCATGA.TAATA	2106
m-PC	2108	GGGATTCTGCTCA.TGAGCCCGGAGTTCT..GAGCACACCAGCACTGGCT	2154
T416	2107	ATTATTTCCCTTAGGAGCAATTGTGTCAGTGTTCCTGGTTATTATGGTGCT	2156
m-PC	2155	TTGATCTGCCCTGGCTGTACTGCTGGCCATCTTTGGATTGCTCTTAGCCCT	2204

FIG. 3I

T416	2157	ATTTGCAACTAGGTGTAAACCGCGAGAGAAAGACACTAGATCCTATAACT	2206
m-PC	2205	GTTCGTGTCCATCTGCAGGACAGAGAGAAAGGATAATAGGGCCTACAACT	2254
T416	2207	GCAGGGTGGCCGAATCAACTTACCAGCACCCACCCAAAAAGGCCATCCCGG	2256
m-PC	2255	GTCGAGAAGCTGAGTCGTATACCGCCACCCAGCCCAAGAGGCCCCAGAAA	2304
T416	2257	CAGATTACACAAAGGGGACATCACATTGGTGCCCTACCATAAAATGGCACTCT	2306
m-PC	2305	CACATTTCAGAAAGGCAGATATCCACCCTGGTGCCCTGTGCT.TAGGGCCAC.	2352
T416	2307	GCCCATCAGATCTCATCA...CAGATCGTCTC.CATCTTCATCTCCTA..	2350
m-PC	2353	GAGAAATGAGA.CTGATGAAGTCAGGCCCATCTCACAAAGGATACCAGCAAGG	2401
T416	2351	..CCTTAGAAAGAGGGCAGATGGG.....CAGCCGGCAGAGTCACAA	2390
m-PC	2402	AGACACTGATGGAGGCAGGCTGGGACTCTTGCCCTGGAGGCCCCCTTCCAC	2451

FIG. 3J

T416	2391	CAGTCACCAGTCACTCAACAGTTTGGTGACAAATCTCATCAAAACCACG...	2437
m-PC	2452	CTCACACCA.ACCCTATACAGGACCCCTGCGTAACCAAGGCAACCAGGGAG	2500
T416	2438	...TGCCAGA.....GAATTCTT.CATTAGAAC.TCACC...CACGCC	2472
m-PC	2501	AACTGGCAGAGAGCCAGGAGGTACTGCAGGACACCTTCAACTTCTCTTT	2550
T416	2473	ACTCCCTGC..TGTTGA.GCAGGTCTCTC...AGCTTCT...TTCAATGC	2512
m-PC	2551	AACCATCCCAGGCAGAGAGGAATGCCCTCCCGGAGAGAACCTTAAACCTTCCTGA	2600
T416	2513	TTCAACCAGGGGCAATA..TCAGCCAAGACCAAG...TTTTCGAGGAAACAA	2558
m-PC	2601	GTCCCCACCTTGCTGTACGCCAACCACTCTTAAGGCCCTCTGAAGGTGCCCTG	2650
T416	2559	ATATTCCAGGAGCTACAGATA.TGCCCTTCAAGACATGGACAAATTTAGC	2607
m-PC	2651	GTAGCCCCATAGCGAGGCGGACTGGAGACCAAGACAAGGAGGA...GGC	2696

FIG. 3K

T416	2608	TTGAAAGACACAGTGGCCGTGGTGACAGTGAGGC..AGGAGACAG.TGATTA	2654
m-PC	2697	CCCACAGAGCCCCACGAGCGTCTCTGCAACCCCTAAGACGACAGCGGAATT	2746
T416	2655	TGATTTGGGCGGAGATTCTCCAATA.GATAGGCTGCTGGGTGAAGGATTC	2703
m-PC	2747	TCAAT..GGCAAAGTGTCTCCTAGAGGAGAGTCCGGTCTCATCAGATTC	2794
T416	2704	..AGCGACCTGTTT...CTCACAGATGGAAAGAAATTCACGAGCTATGAGA	2748
m-PC	2795	TGAGGAGCCGTGGTTAGGCTCTCTG.TGGCTGCTTTTGCGGA...ACGGAA	2840
T416	2749	CTCTGCACGGAGGAG..TGCAGGGTCCTGGGACACTCTGACCAGTGCTGG	2796
m-PC	2841	CCCCG..TGGAGGAGCCCTGCTGGGGACT..CTCCTCCTGTCCAGCAAATC	2886
T416	2797	ATGCCACCACTGCCCTCAC...CGTCTCTGATTATAGGAGTAACATGT	2842
m-PC	2887	TCCCAGCTGCTGTCCCTTGCTGCACCAAGGGCCAATTCCAGCCCCAACCAAA	2936

FIG. 3L

T416	2843	TCATTCCAGGGGAAGAATTCCCAACGCAACCCAGCAGCAGCATC.....	2887
m-PC	2937	CCA..CCGAGGAAATAAATACTTGGCCAAGCCCGCGCAGCAGCAGGGG	2984
T416	2888	CACATCAGAGTC.TTGAGGATGACGCTCAGCCTGCAGATTCCGGTGAAA	2935
m-PC	2985	TACCATCCCAGACACAGAGGGCCTTG.TAGGCCTCAAGCCT.AGTGGCCA	3032
T416	2936	AGAAGAAAGAGTTTTTCCACCTTTGGAAAGGACTCCCCAAACGATGAGGAC	2985
m-PC	3033	AGCAGAA.....CCTGACCTGGAAGAAGGGC.CCCCGAGCCCCGGAGGA.	3074
T416	2986	ACTGGGGATACCAGCACATC.ATCTCTGCTCTCGGAAATGAGCAGTGTT	3034
m-PC	3075	...GGACCTTCTGTAAAGCGACTTCTAGAAAGAGAGCTGTCGAGCCTGT	3121
T416	3035	TCCAGCGTCTCTTACCGCCCTTCCCCTGGACA..CCTATTCTGAATGCAGTG	3082
m-PC	3122	TGGACCCCTAATACAGGTCTAGCCCTGGACAAGCTGAGTCCGCCTGACCCA	3171

FIG. 3M

T416	3083	AGGTGGATCG.GTCCAACTCCCTGGAGCGCAGGAAGGACCCCTTGCCAGC	3131
m-PC	3172	GCCTGGATGGCGAGATTGTCAATTGCCCCCTCA.....CCACCAATTATCGA	3216
T416	3132	CAAAACTGTGGGTACCCACAGGGGGTAGCGGCATGGGCAGCCAGTACGC	3181
m-PC	3217	GACAACT.TGTCCTCCCCCGATGCTACAACATCAGAGGAACCGAGAAC..	3263
T416	3182	ATTTTCAAAATCCCAACCACTGTGGCCGCCACTTGGAACCTCACTCC	3231
m-PC	3264	.CTTCCAGACATTCGGCAAGACAGTTGGACCCGGGAC.CCGAGCTGAGCCC	3311
T416	3232	AGTGTGCAGCCTTCTTCAAAATGGCTGCCAGCCATGGAGGAGATCCCT..	3279
m-PC	3312	AACAGGCACGCGCCTGGCCAGCACTTTCGTCTCGGAGATGAGCTCTCTGC	3361
T416	3280	..GAAA..ATTATGAGGAAGATGATTTTGACAATG..TGCT.CAACCACC	3322
m-PC	3362	TGGAAATGTTGTTGGGGCAGCACACGGTACCAGTGGAAGCTGCGTCCGCG	3411

FIG. 3N

T416	3323	TCAATGATGGGAAACACGAACTCATGGATG.....CCAGT...GA.....	3359
m-PC	3412	GCTTTGCGGAGGCTCTCGGTGTGCGGGAGGACCCCTCAGTCTAGACCTAGC	3461
T416	3360	...ACTGGTGGCAGAGATTAACAA..ACTGCTT..CAAGATGTCCGC.C	3400
m-PC	3462	CACCAGTGGGGCTTCAGCTTCAGAAGCACAGGGTAGAAAGAGGCAGCTG	3511
T416	3401	AGAGC.....	3405
m-PC	3512	AGAGCAGACTTGGCTGTGGCAGGAATCTA	3540

FIG. 30

m-PC	1	MMLLLPFLGLLPGSYLFISGDCQEVATVMVKFQVTEEVPSGTVIGKLS	50
T416	1	.MHQMNAKMHFRFV FALLIVSFN.HDVLGKNLKYRIYEEQVRGSVIARLS	48
m-PC	51	QELR..VEERRGKAGDAFQILQLPQALPVQMNSEDLSTSSRLDREKLC	98
T416	49	EDVADVLLKLPNPSTVRFAMQRCGNSPLLNVNEDNGEISIGATIDREQLC	98
m-PC	99	RQEDPCLVSFDV..LATGASALIHVEIQVLDINDHQPFQPKDEQELEISE	146
T416	99	QKNLNCSEIEFDVITLPTHEHLQLFHIEVEVLDINDNSPQFSRSLPIEISE	148
m-PC	147	SASLHTRIPLDRALDQDTGPNLSLYSLSPSEHFALDVIVGPDETKHAEL	196
T416	149	SAAVGTRIPLDSAFDPDVGENSLHTYSLSANDFFNIEVTRTRTDGAKYAE	198
m-PC	197	VVKELDRELHSYFDLVLTAYDNGNPPKSGISVVKVNVLDSDNDNSPVFAE	246
T416	199	IVVRELDRELKSSVELQLTASDMGVQPQRSGSSILKISISDSNDNSPAFEQ	248

FIG. 4A

m-PC	247	SSLALEIPEDTVPGTLLINLTATDPDQGPNGEVEFFFGKHVSPEVMNTFG	296
T416	249	QSYIIQLLENSPVGTTLLDLNATDPDEGANGKIVYSFSSHVSPKIMETFK	298
m-PC	297	IDAKTGQIILRQALDYKPNPAYEVDVQARDLGPNSIPGHCKVKLIKVLVDVN	346
T416	299	IDSERGHLTLFKQVDYEITKSYEIDVQAQDLGPNSIPAHCKIIIIKVVDVN	348
m-PC	347	DNAPSILITWAS...QTSLSVSEDLPRDSFIALVSANDLDSGNNGLVHCW	392
T416	349	DNKPEININLMSPGKEEISYIFEGDPIDTFVALVRVQDKDSGLNGEIVCK	398
m-PC	393	LNQELGHFRLKRTNGNTYMLLTNATLDREQWPIYTLTVFAQDQGPQLSA	442
T416	399	LHGH.GHFKLQKTYENNYLILTNATLDREKRSEYSLTVIAEDRGTPSLST	447
m-PC	443	EKELQIQVSDVNDNAPVFEKSRSEYSTWENNPPSLHLITLKAHDADLGSN	492
T416	448	VKHFTVQINDINDNPPHFQRSRYEFVISENNSPGAYITTVTATDPPDLGEN	497

FIG. 4B

m-PC	493	GKVSRIKD.....SPVSHLVIIDFETGEVTAQRSLDYEOMAGFEFQVIA	537
T416	498	QVTTYFILESFILGSSITTYVTIDPSNGAIYALRIFDHEEVSQITFVVEA	547
m-PC	538	EDRGQP.QLASSISVWVSLLDANDNAPEVIQPVLSEKATLSVLVNASTG	586
T416	548	RDGGSPKQLVSNNTTVLTIIDENDNVVVGIPALRNNTAEITIPKGAESG	597
m-PC	587	HLLLPENPSGMDPPAGTGIPPKATHSPWSFLLLTIVARDADSGANGELFY	636
T416	598FHVTRIRAI DRDSGVNAELSC	618
m-PC	637	SIQSGNDAHLFFLSPSLGQLFINVTNASSLIGSQWDLGIVVEDQGSPSLQ	686
T416	619	AIVAGNEENIFIIDPRSCDIHTNV.SMDSVPYTEWELSVIIQDKGNPQLH	667
m-PC	687	TQVSLKV...FVTSVDHLRDSAHEPGVLSTPALALICLAVLLAIFGLLL	733
T416	668	TKVLLKCMIFEYAESVTSTAMTSVSQASLDVSMIIISLGAICAVLLVIM	717

FIG. 4C

m-PC	734	ALFVSICRTERKDNRAYNCREAESYRHQPKRPQKHQKADIHLVPVLR	783
T416	718	VLFATRCNREKKDTRSYNCRVAESTYQHHPKRPQRQIHKGDI TLVPTING	767
m-PC	784	HENETDEV...PSHKDTSKETLMEAGWDSCLEAPFHLTP TLYRTL RNQGN	831
T416	768	TLPIRSHRRSSPSSPTLERGQMGRQSHNSHQSLNSLV TISSNHVPENF	817
m-PC	832	QGELAESQEVLDTFNLFNHPQRQNASREN LNPESP PAVRQPLLRPLK	881
T416	818	SLELTHATPAVEQVSQLLSMLHQGQYQPRPSFRGNKYRSRYALQDMDK	867
m-PC	882	VPGSPIARATGDDKEEAPQSPPASSATLRRQRNFNGKVSPRGESGPHQI	931
T416	868	FS...LKDSGRGDSEAGDSDDYDLGRDSPIDRL LGE GFSDLFLTDGRIPA	913
m-PC	932	LRSLVRLSVAFAERNPVEEPAGDSPPVQQISQL LSL LHQGFQPKPNHR	981
T416	914	AMRLCTEECRVLGHSDQCWMPPLPSPSSDYRSNMFI PGEEFPTQPQQQHP	963

FIG. 4D

m-PC	982	GNKYLAKPGGSSRG	TIPDTEGLVGL.KPSGQAE	PDLEEPPSP	EEDLSVK	1030
T416	964	HQSL	EDDAQPADSGEKKKSF	TFGKDS	PNDEDTGDTSTSSLL	SEMSSVFQ 1013
m-PC	1031	RLLEEL	..SSLLDPNTGLALDKLSP	PDPAWMARLSLPL	TTNYRDN	LSS 1077
T416	1014	RLPPSL	DYSECSEVDRSNSLER	RKGPLPAKTVGYPQ	GVAAWA	AASTHFQ 1063
m-PC	1078	PDAT	TSEEPRTFQTFGKTVGPGPEL	SPTGTRLASTFV	SEMSSLLEMLL	GQ 1127
T416	1064	NPTTNC	GPPLGTHS...SVQPSSKWL	PAMEEIPENY	EEDDFDNL	NHLND 1110
m-PC	1128	HTVP	VEAASAALRRLSVCGR	TLSLDLATSGAS	ASEAQGRKKA	ESRLGCGRNL 1180
T416	1111	GKHE	MDASELVAEINKLLQ	DVRQS.....		1135

FIG. 4E

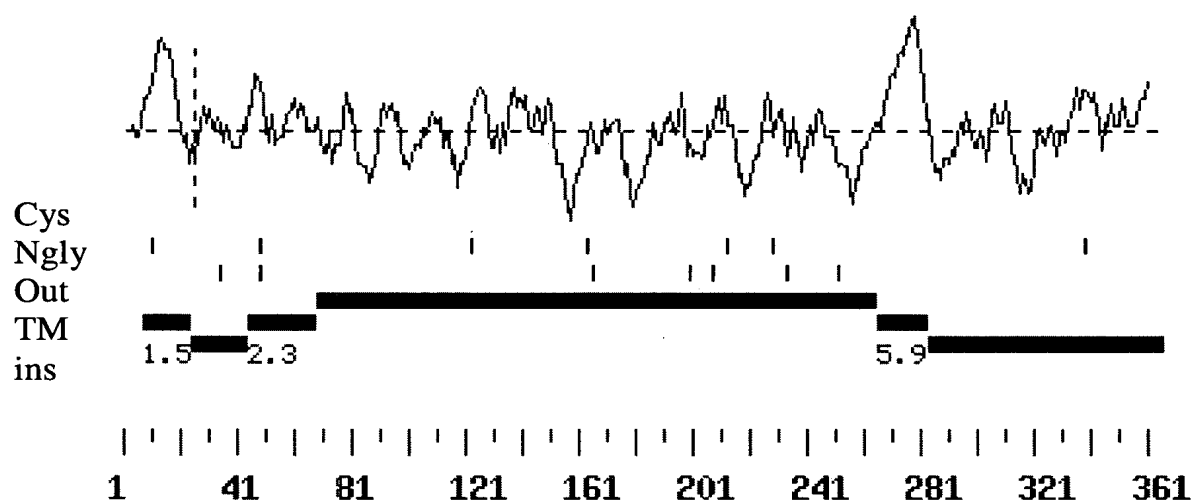


Fig. 5

GAAGTTGAAG	TGAAAGTTTA	ATAAGCAAAA	GAAGAAAGCA	CTCCACTGCA	GAGAGGGGGC	2246
GAAGTTGAAG	TGAAAGTTTA	ATAAGCAAAA	GAAGAAAGCA	CTCCACTGCA	GAGAGGGGGC	121136
CCAAAAGAGG	GTTGCCATTT	CACAGCTGAA	TACAAAGGCA	TAAGGCACAC	ATTTCTGGTA	2186
CCAAAAGAGG	GTTGCCATTT	CACAGCTGAA	TACAAAGGCA	TAAGGCACAC	ATTTCTGGTA	121196
GCTCCACCCC	ATCCTCGTAG	TGTGCATGCA	AGCCCTTAGC	TTGAGTTACT	CCATGTGGCT	2126
GCTCCACCCC	ATCCTCGTAG	TGTGCATGCA	AGCCCTTAGC	TTGAGTTACT	CCATGTGGCT	121256
TTGTTCCCCCT	TACTGTGCAT	GTGTCAGGGG	ATGGAATTTT	CTATTGTGAG	CATGTCTAGG	2066
TTGTTCCCCCT	TACTGTGCAT	GTGTCAGGGG	ATGGAATTTT	CTATTGTGAG	CATGTCTAGG	121316
CAAGTCCTCCT	GTGTAGCCCT	GTTTAAATGT	ATGTGGCTGT	GGGCATGTTT	TAGGCAAGCC	2006
CAAGTCCTCCT	GTGTAGCCCT	GTTTAAATGT	ATGTGGCTGT	GGGCATGTTT	TAGGCAAGCC	121376
CCCCGTGTACA	AGTTCCCCTTA	TCTGCAGTTT	GATTTTTCAG	GCTGTTCTTT	TGTTTGAAGG	1946
CCCCGTGTACA	AGTTCCCCTTA	TCTGCAGTTT	GATTTTTCAG	GCTGTTCTTT	TGTTTGAAGG	121436

Fig. 6A

AATTGACTG	AGGGCCACC	CTAACTGCCT	GCCTGACTAG	TTTCTTCCTT	CCTCCTCTCT	1886
AATTGACTG	AGGGCCACC	CTAACTGCCT	GCCTGACTAG	TTTCTTCCTT	CCTCCTCTCT	121496
CAATAGCACC	TGAATATCAG	AACCAGAGAA	AGGCAAGAAA	TATGACAACA	GTCACAAATA	1826
CAATAGCACC	TGAATATCAG	AACCAGAGAA	AGGCAAGAAA	TATGACAACA	GTCACAAATA	121556
CCACAAGAA	CATTTGAAA	CCACTTTTA	TCCAGTTTC	TCATGGCCTA	GATCCAACAG	1766
CCACAAGAA	CATTTGAAA	CCACTTTTA	TCCAGTTTC	TCATGGCCTA	GATCCAACAG	121616
GAAATAAGTCC	CGTGAAATCTA	AATGGCCAAC	TTTAGATAAA	GGGCCATTTT	TCTTAAATTGA	1706
GAAATAAGTCC	CGTGAAATCTA	AATGGCCAAC	TTTAGATAAA	GGGCCATTTT	TCTTAAATTGA	121676
CTGATTATTC	CACCTCTCCT	AAATTATTTA	TAATGAGATG	TACTGGCTGT	TGTGCAGATT	1646
CTGATTATTC	CACCTCTCCT	AAATTATTTA	TAATGAGATG	TACTGGCTGT	TGTGCAGATT	121736
TTGCCCTTGAC	AGGCCCATAA	ATAATTGAGG	GCCCTTTTAT	TATCTAAAAAC	TATTTTAACC	1586
TTGCCCTTGAC	AGGCCCATAA	ATAATTGAGG	GCCCTTTTAT	TATCTAAAAAC	TATTTTAACC	121796

Fig. 6B

AACACATTTA	CATAGGTCTC	TTGGGCCCTCT	AAAGCTTGAG	CTGTTTATT	TACTATTGG	1526
AACACATTTA	CATAGGTCTC	TTGGGCCCTCT	AAAGCTTGAG	CTGTTTATT	TACTATTGG	121856
GCCATAGTCA	GGGATAAAAA	TGTTTAGAAA	CATGTTTAG	TTTAGAAAATA	CCTAGTGAGG	1466
GCCATAGTCA	GGGATAAAAA	TGTTTAGAAA	CATGTTTAG	TTTAGAAAATA	CCTAGTGAGG	121916
GTTAGAAAAT	CTTAGTCAAA	CTAGTGAGAT	CTGGTGGTCA	GTTATTGATC	AGATAAAATA	1406
GTTAGAAAAT	CTTAGTCAAA	CTAGTGAGAT	CTGGTGGTCA	GTTATTGATC	AGATAAAATA	121976
TGAGGAATTC	CCCTCTCTAA	GCCATAGTTT	CTAAATGTGT	GAGAAAACA	AGCAGTCCAC	1346
TGAGGAATTC	CCCTCTCTAA	GCCATAGTTT	CTAAATGTGT	GAGAAAACA	AGCAGTCCAC	122036
ACATAGTTCA	GGCCCTGGTC	TGAACACTAA	AGTCTGGTTC	ATTCACAGAG	ATATAATACT	1286
ACATAGTTCA	GGCCCTGGTC	TGAACACTAA	AGTCTGGTTC	ATTCACAGAG	ATATAATACT	122096
TGTTTAGTAT	GGAGAAAGAG	AGGAGGCTT	TACAACACAT	CACCCCAGAG	TCACAAACCA	1226
TGTTTAGTAT	GGAGAAAGAG	AGGAGGCTT	TACAACACAT	CACCCCAGAG	TCACAAACCA	122156

Fig. 6C

CCATACAGAG	GTCAGATGGT	ATGTGACAGC	TAGGTCCTCT	GTGATAGGAA	ACTGGATTGG	1166
CCATACAGAG	GTCAGATGGT	ATGTGACAGC	TAGGTCCTCT	GTGATAGGAA	ACTGGATTGG	122216
AACACAGCCA	ACATTCCCAA	CACCTGATGG	TGAAGAGGGA	CTGACAAAAGT	CCTTTCACAGC	1106
AACACAGCCA	ACATTCCCAA	CACCTGATGG	TGAAGAGGGA	CTGACAAAAGT	CCTTTCACAGC	122276
AGGCCTGTCC	CTTGAGGCTT	GTAAGGTTGG	CAGCAGCTGC	TCTAAAAGCT	TTTACTAGC	1046
AGGCCTGTCC	CTTGAGGCTT	GTAAGGTTGG	CAGCAGCTGC	TCTAAAAGCT	TTTACTAGC	122336
CCAAGACACA	GGGCTGAACT	TTGCTTTTGA	GCCCTTACC	TTTTTCCAAG	GAATCAAAAC	986
CCAAGACACA	GGGCTGAACT	TTGCTTTTGA	GCCCTTACC	TTTTTCCAAG	GAATCAAAAC	122396
AATTAATAAA	ACCAGTCCAA	CACCAATGAA	TGAAATAGGC	CACCAATGAA	TGGAAAAATT	926
AATTAATAAA	ACCAGTCCAA	CACCAATGAA	TGAAATAGGC	CACCAATGAA	TGGAAAAATT	122456
ATCTGTCTTC	TCAGTTTCAG	AA				904
ATCTGTCTTC	TCAGTTTCAG	CA				122478

Fig. 6D

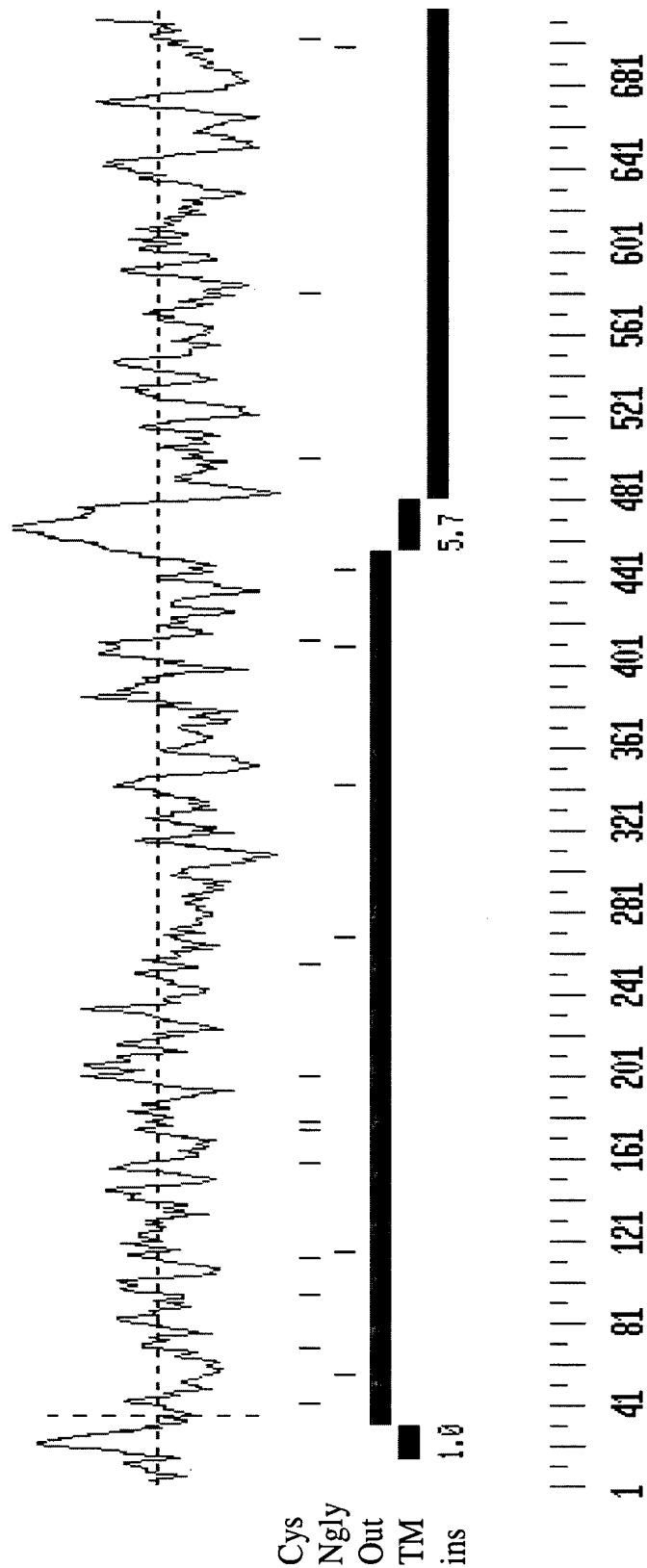


Fig. 7

10		20		30		40		50		60		70		80		90		100	
M	MNWHMIIISGLI	VVVIKVVGMTFFLLYFPQVFGKSN	DFVPTESYGTTSVQNV	SVQIFGRNDE	STMPTRSYG	TVCPRNWD	FHQK	CEFFSF	SESPWK	D	SMDY								
R	MNWHMIIISGLI	VVVIKVVGMTFFLLYFPQVFGKSN	DFVPTESYGTTSVQNV	SVQIFGRNDE	STMPTRSYG	TVCPRNWD	FHQK	CEFFSF	SESPWK	D	SMDY								
H	MNWHMIIISGLI	VVVLKVVGMTLFLLYFPQIFNKSND	GFTTTRSYGT--VSQIFGSSSP	PNCGFIT	TTRSYG	TVCPKDWE	FYQAR	CFFL	STSESS	WN	ESRDF								
A	MNWHMIIISGLI	VVVLKVVGMTLFLLYFPQIFNKSND	GFTTTRSYGT--VSQIFGSSSP	PNCGFIT	TTRSYG	TVCPKDWE	FYQAR	CFFL	STSESS	WN	ESRDF								
C	MNWHMIIISGLI	VVVLKVVGMTLFLLYFPQIFNKSND	GFTTTRSYGT--V																
E	MNWHMIIISGLI	VVVLKVVGMTLFLLYF																	
B	MNWHMIIISGLI	VVVLKVVGMTLFLLYFPQIFNKSND	GFTTTRSYGT--VSQIFGSSSP	PNCGFIT	TTRSYG	TVCPKDWE	FYQAR	CFFL	STSESS	WN	ESRDF								
D	MNWHMIIISGLI	VVVLKVVGMTLFLLYFPQIFNKSND	GFTTTRSYGT--V																
F	MNWHMIIISGLI	VVVLKVVGMTLFLLYF																	
110		120		130		140		150		160		170		180					
M	CATQGSTLA	IVNTPEK	LKYLQDIAGIEN	YFIGLVRQ	PGEKKRW	WINNSVF	ENGVTNQDQNF	DCVTIGLTK	TYDAASCE	VS	YRWICE	MNAK							
R	CATQGSTLA	IVNTPEK	LKYLQDIAGIEN	YFIGLVRQ	PGEKKRW	WINNSVF	ENGVTNQDQNF	DCVTIGLTK	TYDAASCE	VS	YRWICE	MNAK							
H	CKGKGSTLA	IVNTPEK	L-FLQDITDAEK	YFIGLIYHREE	KRW	WINNSVF	ENGVTNQDQNF	CATIGLTK	TFDAASCD	IS	YRRICE	KNAK							
A	CKGKGSTLA	IVNTPEK	LKFLQDITDAEK	YFIGLIYHREE	KRW	WINNSVF	ENGVTNQDQNF	CATIGLTK	TFDAASCD	IS	YRRICE	KNAK							
C	CKGKGSTLA	IVNTPEK	LKFLQDITDAEK	YFIGLIYHREE	KRW	WINNSVF	ENGVTNQDQNF	CATIGLTK	TFDAASCD	IS	YRRICE	KNAK							
E	CKGKGSTLA	IVNTPEK	LKFLQDITDAEK	YFIGLIYHREE	KRW	WINNSVF	ENGVTNQDQNF	CATIGLTK	TFDAASCD	IS	YRRICE	KNAK							
B	CKGKGSTLA	IVNTPEK	LKFLQDITDAEK	YFIGLIYHREE	KRW	WINNSVF	ENGKYV	NMPQFPGD	LGLLQK	TKPEI	AGFTLE								
D	CKGKGSTLA	IVNTPEK	LKFLQDITDAEK	YFIGLIYHREE	KRW	WINNSVF	ENGKYV	NMPQFPGD	LGLLQK	TKPEI	AGFTLE								
F	CKGKGSTLA	IVNTPEK	LKFLQDITDAEK	YFIGLIYHREE	KRW	WINNSVF	ENGKYV	NMPQFPGD	LGLLQK	TKPEI	AGFTLE								

Fig. 8

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	
A	GTGGTCGGCGCCGAGGTGAGACTGTGAAGAAGGAAGAACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
B	GTGGTCGGCGCCGAGGTGAGACTGTGAAGAAGGAAGAACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
C	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
D	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
E	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
F	GAGACTGTGAAGAAGGAAG-----AACGTTGCTTGGGCAAAAAGGAGCATATTTCTCAGGAGACGGGGCCCCCTGCCTGCCACACCAAGCA										
	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200	
A	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
B	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
C	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
D	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
E	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
F	TTAGGCCACCAAGAACCCCCCATCTGCAAGCAAGCCTAGCCTTCCAGGGAGAAAGAGGCCCTTGCAGCTCCTTCATCATGAACCTGGCACATGATCATCT										
	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300	
A	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTTACTTTATTTCCTCCACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCCACCAC										
B	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTTACTTTTATTTCCTCCACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCCACCAC										
C	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTTACTTTTATTTCCTCCACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCCACCAC										
D	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTTACTTTTATTTCCTCCACAGATTTTAAACAAAAGTAACGATGGTTTCACCCACCAC										
E	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTTACTTTTATTTCCTTACTTTATT-----										
F	CTGGGCTTATTGTGGTAGTGCTTAAAGTTGTTGGAATGACCTTATTCTTACTTTATT-----										

Fig. 9A

	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400	
A	CAGGAGCTATGGAACAGTCTCACAGATTTTGGGAGCAGTTCCCAAGTCCCAACGGCTTCATTACCACAAGGAGCTATGGAACAGTCTGCCCCAAAGAC										
B	CAGGAGCTATGGAACAGTCTCACAGATTTTGGGAGCAGTTCCCAAGTCCCAACGGCTTCATTACCACAAGGAGCTATGGAACAGTCTGCCCCAAAGAC										
C	CAGGAGCTATGGAACAG-----TCTGCCCCAAAGAC										
D	CAGGAGCTATGGAACAG-----TCTGCCCCAAAGAC										
E	-----TCTGCCCCAAAGAC										
F	-----TCTGCCCCAAAGAC										
	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500	
A	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAAGGAAAAGGATCCACATTTGGCAA										
B	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAAGGAAAAGGATCCACATTTGGCAA										
C	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAAGGAAAAGGATCCACATTTGGCAA										
D	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAAGGAAAAGGATCCACATTTGGCAA										
E	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAAGGAAAAGGATCCACATTTGGCAA										
F	TGGGAATTTTATCAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAAATGAAAGCAGGGACTTTTGCAAAGGAAAAGGATCCACATTTGGCAA										
	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600	
A	TTGTCAACACGCCAGAGAAAACCTGAAGTTTCTTCAGGACATAAAGTCTGATGCTGAGAAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
B	TTGTCAACACGCCAGAGAAAACCTGAAGTTTCTTCAGGACATAAAGTCTGATGCTGAGAAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
C	TTGTCAACACGCCAGAGAAAACCTGAAGTTTCTTCAGGACATAAAGTCTGATGCTGAGAAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
D	TTGTCAACACGCCAGAGAAAACCTGAAGTTTCTTCAGGACATAAAGTCTGATGCTGAGAAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
E	TTGTCAACACGCCAGAGAAAACCTGAAGTTTCTTCAGGACATAAAGTCTGATGCTGAGAAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										
F	TTGTCAACACGCCAGAGAAAACCTGAAGTTTCTTCAGGACATAAAGTCTGATGCTGAGAAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAAAGGTGGCG										

Fig. 9B

	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700	
A	TTGGATCAACAACTCTGTGTTCAATGGCAATGTTACCAATCAGAAATCAGAATTTCAACTGTGCGACCATTTGGCCTAACAAAGACATTTGATGCTGCATCA										
B	TTGGATCAACAACTCTGTGTTCAATGGCAAGTACGTGAACATGCCACAGTTTCCTGGGATCTTGGTTTGCCTCAAAAGACCAACCTGAGATTGCTGGG										
C	TTGGATCAACAACTCTGTGTTCAATGGCAATGTTACCAATCAGAAATTCAGAAATTTCAACTGTGCGACCATTTGGCCTAACAAAGACATTTGATGCTGCATCA										
D	TTGGATCAACAACTCTGTGTTCAATGGCAAGTACGTGAACATGCCACAGTTTCCTGGGATCTTGGTTTGCCTCAAAAGACCAACCTGAGATTGCTGGG										
E	TTGGATCAACAACTCTGTGTTCAATGGCAATGTTACCAATCAGAAATCAGAAATTTCAACTGTGCGACCATTTGGCCTAACAAAGACATTTGATGCTGCATCA										
F	TTGGATCAACAACTCTGTGTTCAATGGCAAGTACGTGAACATGCCACAGTTTCCTGGGATCTTGGTTTGCCTCAAAAGACCAACCTGAGATTGCTGGG										
	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800	
A	TGTGACATCAGTACCGCAGGATCTGTGAGAAAGAAATGCCAAATGATCACAGTTCCCTGTGACAAGAACTATACTTGCAACTCTTTTGAATCCATACAGG										
B	TTCAACCTGGAATAGCTCAACGCTGACACTTGACTCTGTCTGCTCTTCTCTCTTCTTCCAAACCATCTATTCTC-----										
C	TGTGACATCAGTACCGCAGGATCTGTGAGAAAGAAATGCCAAATGATCACAGTTCCCTGTGACAAGAACTATACTTGCAACTCTTTTGAATCCATACAGG										
D	TTCAACCTGGAATAGCTCAACGCTGACACTTGACTCTGTCTGCTCTTCTCTCTTCTTCCAAACCATCTATTCTC-----										
E	TGTGACATCAGTACCGCAGGATCTGTGAGAAAGAAATGCCAAATGATCACAGTTCCCTGTGACAAGAACTATACTTGCAACTCTTTTGAATCCATACAGG										
F	TTCAACCTGGAATAGCTCAACGCTGACACTTGACTCTGTCTGCTCTTCTCTCTTCTTCCAAACCATCTATTCTC-----										
	810	820	830	840	850	860	870	880	890	900	
A	TCGTCGTGGCCAAATGATTCCTTTTACTTACCTATCTGTCTACCAAGTAGCGGTCCCTTGCCCATTTGGGAAACTGAGCTTCTTCTCTGCACTGGGGGACTGG										
B	-----CCTATCTGTCTACCAAGTAGCGGTCCCTTGCCCATTTGGGAAACTGAGCTTCTTCTCTGCACTGGGGGACTGG										
C	TCGTCGTGGCCAAATGATTCCTTTTACTTACCTATCTGTCTACCAAGTAGCGGTCCCTTGCCCATTTGGGAAACTGAGCTTCTTCTCTGCACTGGGGGACTGG										
D	-----CCTATCTGTCTACCAAGTAGCGGTCCCTTGCCCATTTGGGAAACTGAGCTTCTTCTCTGCACTGGGGGACTGG										
E	TCGTCGTGGCCAAATGATTCCTTTTACTTACCTATCTGTCTACCAAGTAGCGGTCCCTTGCCCATTTGGGAAACTGAGCTTCTTCTCTGCACTGGGGGACTGG										
F	-----CCTATCTGTCTACCAAGTAGCGGTCCCTTGCCCATTTGGGAAACTGAGCTTCTTCTCTGCACTGGGGGACTGG										

Fig. 9C

	910	920	930	940	950	960	970	980	990	1000	
A	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTGACTGAT										
B	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTGACTGAT										
C	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTGACTGAT										
D	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTGACTGAT										
E	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTGACTGAT										
F	ATGCTAGCCATCTCCAGGACACAGGATCAGTTTACGGAACAACCTCAGTTAGTATAGAGATGAGGTCCGCTTCTGTAGTACTGAGCATTTCTGACTGAT										
	1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080	1090	1100	
A	CAAAAAGGCCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTGTTTATTTTAGCCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT										
B	CAAAAAGGCCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTGTTTATTTAGCCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT										
C	CAAAAAGGCCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTGTTTATTTTAGCCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT										
D	CAAAAAGGCCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTGTTTATTTTAGCCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT										
E	CAAAAAGGCCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTGTTTATTTTAGCCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT										
F	CAAAAAGGCCCTAGTCTGTGACAGGGTTTGTGTTTATTTTAGCCCTCAGAGTATACCATACTACTAGGGAGTAACGTAGAGTGAGAAATATATAAACATTAT										
	1110	1120	1130	1140	1150	1160	1170	1180	1190	1200	
A	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTGTGACTTTCGTCTCTGTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG										
B	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTGTGACTTTCGTCTCTGTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG										
C	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTGTGACTTTCGTCTCTGTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG										
D	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTGTGACTTTCGTCTCTGTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG										
E	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTGTGACTTTCGTCTCTGTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG										
F	TTAGGGATTACCATGGTGGAAAGAGGGATAAACAATAGGTCTGTGACTTTCGTCTCTGTCTCAAGGGAACCCCATTCACATGCCCCCTCCTAACTCCACAAG										

Fig. 9D

	1210	1220	1230	1240	1250	1260	1270	1280	1290	1300	
A	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
B	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
C	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
D	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
E	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
F	CGAGGGTAGCAGAGGCTCTCCCTCAGTCTGAACCTAAGGCTTGGCCCTTGGGAGGGCTCCTAGTGTGAGCTTGGAGCAGCACGGGACAGCAGCATTTGTTTAT										
	1310	1320	1330	1340	1350	1360	1370	1380	1390	1400	
A	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCTGTGTTCT										
B	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCTGTGTTCT										
C	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCTGTGTTCT										
D	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCTGTGTTCT										
E	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCTGTGTTCT										
F	GGGAATGGAGAGAGGCTCTGGGCAGGATAGGAACCTTCTTGGAGACCCCTTTGAAGAAAACCCAGGCAGCCCAAGGGAGGCCAAAACACACTAGATTTCTGTGTTCT										
	1410	1420	1430	1440	1450	1460	1470	1480	1490	1500	
A	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACCTTAAGCTAAAATTCCTTGTTCATATTTCTGAAACTCCCATTAACATATGTAACCTCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
B	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACCTTAAGCTAAAATTCCTTGTTCATATTTCTGAAACTCCCATTAACATATGTAACCTCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
C	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACCTTAAGCTAAAATTCCTTGTTCATATTTCTGAAACTCCCATTAACATATGTAACCTCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
D	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACCTTAAGCTAAAATTCCTTGTTCATATTTCTGAAACTCCCATTAACATATGTAACCTCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
E	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACCTTAAGCTAAAATTCCTTGTTCATATTTCTGAAACTCCCATTAACATATGTAACCTCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										
F	TCAGCAAAGCCCTGAAGAGACACCTTAAGCTAAAATTCCTTGTTCATATTTCTGAAACTCCCATTAACATATGTAACCTCCTTTGTAAACCAAAATTTAGG										

Fig. 9E

1510	1520	1530	1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600
A	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGGTTTGTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTTAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT								
B	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGGTTTGTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTTAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT								
C	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGGTTTGTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTTAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT								
D	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGGTTTGTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTTAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT								
E	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGGTTTGTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTTAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT								
F	TAAGCAGGCTTCCTTTGCTCTGAAGGTTTGTGAGTACCTGGCTGTATTGTTGAGTATTTTAAATTTTGGATAGTCTCTTTAGGCAACAATAATCACAAT								
1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670	1680	1690	1700
A	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCTGATACCCAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCCTGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG								
B	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCTGATACCCAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCCTGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG								
C	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCTGATACCCAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCCTGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG								
D	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCTGATACCCAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCCTGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG								
E	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCTGATACCCAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCCTGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG								
F	ATATTATCCCTTCAGTTCTGGAGAAAGCCTGATACCCAGGCACAGCCTACTGACCCCAAGGAGCCTGGCACTGATGGCATCACATTTGATCTAGAACTGG								
1710	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780	1790	1800
A	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGGCTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACGGAAATAGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA								
B	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGGCTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACGGAAATAGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA								
C	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGGCTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACGGAAATAGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA								
D	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGGCTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACGGAAATAGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA								
E	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGGCTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACGGAAATAGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA								
F	TCCAGCCGCCGAAGAGTAGGAAAGAGAAAGGCTGCTCAGGGAAACATTTGGCTGGGGCACGGAAATAGCACATAGTAAAAAGGGAACATCAGGGTCAAA								

Fig. 9F

	1810	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880	1890	1900
A	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
B	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
C	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
D	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
E	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
F	TGGAAATCACCTGAGACAGGAAACAGGGAGTTCA	TTGGCCACACACTGGAAGAAAGGCAAGAACACAAGTCTTGGAGTACCCCTGGCTGTTCTCC								
	1910	1920	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990	2000
A	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCAATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAAACCATATAAGGAAGAC								
B	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCAATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAAACCATATAAGGAAGAC								
C	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCAATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAAACCATATAAGGAAGAC								
D	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCAATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAAACCATATAAGGAAGAC								
E	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCAATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAAACCATATAAGGAAGAC								
F	ACACTCACAAGACATCAGCTATAC	TCTGCTTGGTGCAATAAGAAAGAGAAAGAGATGCCCTTTTGTGTTTTGAGTAAGAAATAATTAAACCATATAAGGAAGAC								
	2010	2020	2030	2040	2050	2060	2070	2080	2090	2100
A	CATGTATAAAACTGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCA	TTTGTGTCCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
B	CATGTATAAAACTGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCA	TTTGTGTCCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
C	CATGTATAAAACTGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCA	TTTGTGTCCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
D	CATGTATAAAACTGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCA	TTTGTGTCCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
E	CATGTATAAAACTGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCA	TTTGTGTCCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								
F	CATGTATAAAACTGATGGAAATAAATAGTCACCAAAAGTACAGCACATACCA	TTTGTGTCCTAATAACAATGTAGCACAGTAATGACTGTACATGTCATTGT								

Fig. 9G

2110	2120	2130	2140	2150	2160	2170	2180	2190	2200
A	ATGTATACCAACAAGAT	TGTTGTAAATCATATATTTT	TATTACAACACTAAGTTCTGCTTCTGCAATCCCTAGGTTTTCATCATTTTTTGGCTCCTTAGCATG						
B	ATGTATACCAACAAGAT	TGTTGTAAATCATATATTTT	TATTACAACACTAAGTTCTGCTTCTGCAATCCCTAGGTTTTCATCATTTTTTGGCTCCTTAGCATG						
C	ATGTATACCAACAAGAT	TGTTGTAAATCATATATTTT	TATTACAACACTAAGTTCTGCTTCTGCAATCCCTAGGTTTTCATCATTTTTTGGCTCCTTAGCATG						
D	ATGTATACCAACAAGAT	TGTTGTAAATCATATATTTT	TATTACAACACTAAGTTCTGCTTCTGCAATCCCTAGGTTTTCATCATTTTTTGGCTCCTTAGCATG						
E	ATGTATACCAACAAGAT	TGTTGTAAATCATATATTTT	TATTACAACACTAAGTTCTGCTTCTGCAATCCCTAGGTTTTCATCATTTTTTGGCTCCTTAGCATG						
F	ATGTATACCAACAAGAT	TGTTGTAAATCATATATTTT	TATTACAACACTAAGTTCTGCTTCTGCAATCCCTAGGTTTTCATCATTTTTTGGCTCCTTAGCATG						
2210	2220	2230	2240	2250	2260	2270	2280	2290	2300
A	GCCACTTACAATTTT	TAAACATGAGATAACACATCAGGTGTCAGAACTTGCTTGAAGGGAATTACCAGAAGTAATTTGTGTTT	GAGATGGGGTGGAAATT						
B	GCCACTTACAATTTT	TAAACATGAGATAACACATCAGGTGTCAGAACTTGCTTGAAGGGAATTACCAGAAGTAATTTGTGTTT	GAGATGGGGTGGAAATT						
C	GCCACTTACAATTTT	TAAACATGAGATAACACATCAGGTGTCAGAACTTGCTTGAAGGGAATTACCAGAAGTAATTTGTGTTT	GAGATGGGGTGGAAATT						
D	GCCACTTACAATTTT	TAAACATGAGATAACACATCAGGTGTCAGAACTTGCTTGAAGGGAATTACCAGAAGTAATTTGTGTTT	GAGATGGGGTGGAAATT						
E	GCCACTTACAATTTT	TAAACATGAGATAACACATCAGGTGTCAGAACTTGCTTGAAGGGAATTACCAGAAGTAATTTGTGTTT	GAGATGGGGTGGAAATT						
F	GCCACTTACAATTTT	TAAACATGAGATAACACATCAGGTGTCAGAACTTGCTTGAAGGGAATTACCAGAAGTAATTTGTGTTT	GAGATGGGGTGGAAATT						
2310	2320	2330	2340	2350	2360	2370	2380	2390	2400
A	GGAATTATATTAGT	AGCCGGTGGAGATACAAGTTCTCTGACTGTGTGTTGGGAAAGGATAAGTGTACCGTTGAGAAGGGAAGAAAGGCTGAGTCTAGGTGG							
B	GGAATTATATTAGT	AGCCGGTGGAGATACAAGTTCTCTGACTGTGTGTTGGGAAAGGATAAGTGTACCGTTGAGAAGGGAAGAAAGGCTGAGTCTAGGTGG							
C	GGAATTATATTAGT	AGCCGGTGGAGATACAAGTTCTCTGACTGTGTGTTGGGAAAGGATAAGTGTACCGTTGAGAAGGGAAGAAAGGCTGAGTCTAGGTGG							
D	GGAATTATATTAGT	AGCCGGTGGAGATACAAGTTCTCTGACTGTGTGTTGGGAAAGGATAAGTGTACCGTTGAGAAGGGAAGAAAGGCTGAGTCTAGGTGG							
E	GGAATTATATTAGT	AGCCGGTGGAGATACAAGTTCTCTGACTGTGTGTTGGGAAAGGATAAGTGTACCGTTGAGAAGGGAAGAAAGGCTGAGTCTAGGTGG							
F	GGAATTATATTAGT	AGCCGGTGGAGATACAAGTTCTCTGACTGTGTGTTGGGAAAGGATAAGTGTACCGTTGAGAAGGGAAGAAAGGCTGAGTCTAGGTGG							

Fig. 9H

	2410	2420	2430	2440	2450	2460	2470	2480	2490	2500
A	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
B	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
C	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
D	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
E	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
F	AGAAAAATATCAACAGAACTCTAGCCAAAGGCAAGCCCCAGAACTCAGACAACAGAAAAGGAAATCCTAATCCTTCTGTGTTTGTGAGAAAGAGAGAACTGTAGT									
	2510	2520	2530	2540	2550	2560	2570	2580	2590	2600
A	TGCTTCACTTCCTATTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
B	TGCTTCACTTCCTATTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
C	TGCTTCACTTCCTATTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
D	TGCTTCACTTCCTATTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
E	TGCTTCACTTCCTATTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
F	TGCTTCACTTCCTATTTCATGACAGAAATAACTGCAAACTTTTAAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCCA									
	2610	2620	2630	2640	2650	2660	2670	2680	2690	2700
A	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
B	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
C	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
D	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
E	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									
F	AGATTAGGAGACACTTCTGTGCAGGTTCTTAAAGAGAGCCCAATGGCCCTGGGGTGGGAGTGGGAGTAGATAGGGAATATGTGGGATTTGGTTTAAAGTTCA									

Fig. 9I

	2710	2720	2730	2740	2750	2760	2770	2780	2790	2800	
A	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTAGATAAAATGTGATCTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
B	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTAGATAAAATGTGATCTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
C	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTAGATAAAATGTGATCTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
D	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTAGATAAAATGTGATCTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
E	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTAGATAAAATGTGATCTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
F	TCATTGGGAGAGTTCCCTGGATCCCTTGCAAGCTTAGATAAAATGTGATCTTTATTAGATAGCAGTGGCATGCTTTTAAAAAAAAGGCAATGAAAAATTTAG										
	2810	2820	2830	2840	2850	2860	2870	2880	2890	2900	
A	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTGTGTTTCTAATAATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
B	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTGTGTTTCTAATAATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
C	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTGTGTTTCTAATAATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
D	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTGTGTTTCTAATAATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
E	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTGTGTTTCTAATAATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
F	CAAGCCACTGAATTTGAGTTTTTCACCTTGTGTTTCTAATAATGCTGTGTGAATCAGTACAGTTTTCTTACCCCTTTCTTGGTCTTAAATTTCCCTTACTGATAAAA										
	2910	2920	2930	2940	2950	2960	2970	2980	2990	3000	
A	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTGACACATATTAAATAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
B	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTGACACATATTAAATAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
C	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTGACACATATTAAATAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
D	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTGACACATATTAAATAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
E	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTGACACATATTAAATAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										
F	TGGGGTAGTAATACCTATCTCAAAAAAATATTGACACATATTAAATAACATTCCTCTATGTATCTCAATGGCATTAGACATTAGGAGAAGCATTTTGTGGA										

Fig. 9J

	3010	3020	3030	3040	3050	3060	3070	3080	3090	3100	
A	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTTGCTAGAAAGCTTAATGTAGCCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT										
B	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTTGCTAGAAAGCTTAATGTAGCCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT										
C	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTTGCTAGAAAGCTTAATGTAGCCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT										
D	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTTGCTAGAAAGCTTAATGTAGCCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT										
E	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTTGCTAGAAAGCTTAATGTAGCCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT										
F	GGATTGAAGTTGAGATCTTCATCCAAAGTAGCTTTTCAATTTGCTAGAAAGCTTAATGTAGCCAAGCCACTTCATTTTTCAGAACTTGTTTACTCATTT										
	3110	3120	3130	3140	3150	3160	3170	3180	3190	3200	
A	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA										
B	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA										
C	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA										
D	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA										
E	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA										
F	TATAATATGGGAATAAAAAATTTGTGCAAGTCAGAGAAGGGTGCCTTAAAAATGTTGTGGCCAAAGCCACATGAGATCAAAAGACACACACTTTTCATGACCTCA										
	3210	3220	3230	3240	3250	3260	3270	3280	3290	3300	
A	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT										
B	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT										
C	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT										
D	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT										
E	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT										
F	AATGTGGGCCCAGCCTAGGTCAGCCAAACCCCTTAGACTCACGAAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCACCCCTAGATCAGCTGAAACT										

Fig. 9K

3310		3320		3330		3340		3350		3360		3370		3380		3390		3400	
A	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATC	CTGTA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AGTCTCT	CGTAT	AGCA	AAATCT	AACTG	ATG	ATG	CAATCT	CCATCT	GGCCCTTC	
B	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATC	CTGTA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AGTCTCT	CGTAT	AGCA	AAATCT	AACTG	ATG	ATG	CAATCT	CCATCT	GGCCCTTC	
C	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATC	CTGTA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AGTCTCT	CGTAT	AGCA	AAATCT	AACTG	ATG	ATG	CAATCT	CCATCT	GGCCCTTC	
D	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATC	CTGTA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AGTCTCT	CGTAT	AGCA	AAATCT	AACTG	ATG	ATG	CAATCT	CCATCT	GGCCCTTC	
E	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATC	CTGTA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AGTCTCT	CGTAT	AGCA	AAATCT	AACTG	ATG	ATG	CAATCT	CCATCT	GGCCCTTC	
F	CTAAGCACAAAAATAAAACCTTATC	CTGTA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AGTCTCT	CGTAT	AGCA	AAATCT	AACTG	ATG	ATG	CAATCT	CCATCT	GGCCCTTC	
3410		3420		3430		3440		3450		3460		3470		3480		3490		3500	
A	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTC	GTAT	TTGT	TCAT	CCAG	CAAC	CAGG	ATGATC	TGTT	AAAA	ACAT	TAA	ACAG	ATTC	TGTC	AYKC	TTT	MAAAAA	AAAA
B	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTC	GTAT	TTGT	TCAT	CCAG	CAAC	CAGG	ATGATC	TGTT	AAAA	ACAT	TAA	ACAG	ATTC	TGTC	AYKC	TTT	MAAAAA	AAAA
C	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTC	GTAT	TTGT	TCAT	CCAG	CAAC	CAGG	ATGATC	TGTT	AAAA	ACAT	TAA	ACAG	ATTC	TGTC	AYKC	TTT	MAAAAA	AAAA
D	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTC	GTAT	TTGT	TCAT	CCAG	CAAC	CAGG	ATGATC	TGTT	AAAA	ACAT	TAA	ACAG	ATTC	TGTC	AYKC	TTT	MAAAAA	AAAA
E	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTC	GTAT	TTGT	TCAT	CCAG	CAAC	CAGG	ATGATC	TGTT	AAAA	ACAT	TAA	ACAG	ATTC	TGTC	AYKC	TTT	MAAAAA	AAAA
F	ATCCTTCTCCCTTTATTGTCCCTTTC	GTAT	TTGT	TCAT	CCAG	CAAC	CAGG	ATGATC	TGTT	AAAA	ACAT	TAA	ACAG	ATTC	TGTC	AYKC	TTT	MAAAAA	AAAA
3510		3520		3530		3540		3550		3560		3570		3580		3590		3600	
A	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCC	ACTGA	ATTT	AGTT	TTT	TCAC	TTT	TGGTTT	CTA	ATAT	GC	TG	TGA	ATC	AG	ANC	AGKTTT	CTT	TGGTCTTT
B	AAAGCCATG - AAATTTAGCAAGCC	ACTGA	ATTT	AGTT	TTT	TCAC	TTT	-GTTT	CTA	ATAT	GC	TG	TGA	ATC	AG	ANC	AGKTTT	CTT	TGGTCTTT
C	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCC	ACTGA	ATTT	AGTT	TTT	TCAC	TTT	TGGTTT	CTA	ATAT	GC	TG	TGA	ATC	AG	ANC	AGKTTT	CTT	TGGTCTTT
D	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCC	ACTGA	ATTT	AGTT	TTT	TCAC	TTT	TGGTTT	CTA	ATAT	GC	TG	TGA	ATC	AG	ANC	AGKTTT	CTT	TGGTCTTT
E	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCC	ACTGA	ATTT	AGTT	TTT	TCAC	TTT	TGGTTT	CTA	ATAT	GC	TG	TGA	ATC	AG	ANC	AGKTTT	CTT	TGGTCTTT
F	AAAGCCATGAAATTTNTAGCAAGCC	ACTGA	ATTT	AGTT	TTT	TCAC	TTT	TGGTTT	CTA	ATAT	GC	TG	TGA	ATC	AG	ANC	AGKTTT	CTT	TGGTCTTT

Fig. 9L

	3610	3620	3630	3640	3650	3660	3670	3680	3690	3700	
A	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TTCACATAT	TATGCA	CATATTA	TATCTCA	ATGGCAT
B	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TTCACATAT	TATGCA	CATATTA	TATCTCA	ATGGCAT
C	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TTCACATAT	TATGCA	CATATTA	TATCTCA	ATGGCAT
D	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TTCACATAT	TATGCA	CATATTA	TATCTCA	ATGGCAT
E	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TTCACATAT	TATGCA	CATATTA	TATCTCA	ATGGCAT
F	AATTTCC	TACTGATA	AAAAATGGGG	TGTAATAC	CTATCTCA	AAAAATTA	TTCACATAT	TATGCA	CATATTA	TATCTCA	ATGGCAT
	3710	3720	3730	3740	3750	3760	3770	3780	3790	3800	
A	AGGAGAA	GCATTTT	TGTGGAGG	ATTTGA	AGTTGAG	ATCTTC	ATCCAA	GAAGTAG	CTTTCA	ATTTG	STAGAG
B	AGGAGAA	GCATTTT	TGTGGAGG	ATTTGA	AGTTGAG	ATCTTC	ATCCAA	GAAGTAG	CTTTCA	ATTTG	STAGAG
C	AGGAGAA	GCATTTT	TGTGGAGG	ATTTGA	AGTTGAG	ATCTTC	ATCCAA	GAAGTAG	CTTTCA	ATTTG	STAGAG
D	AGGAGAA	GCATTTT	TGTGGAGG	ATTTGA	AGTTGAG	ATCTTC	ATCCAA	GAAGTAG	CTTTCA	ATTTG	STAGAG
E	AGGAGAA	GCATTTT	TGTGGAGG	ATTTGA	AGTTGAG	ATCTTC	ATCCAA	GAAGTAG	CTTTCA	ATTTG	STAGAG
F	AGGAGAA	GCATTTT	TGTGGAGG	ATTTGA	AGTTGAG	ATCTTC	ATCCAA	GAAGTAG	CTTTCA	ATTTG	STAGAG
	3810	3820	3830	3840	3850	3860	3870	3880	3890	3900	
A	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATGGG	AAATA	AAAAATTT	TGTGCA	AGTCAG	AGAAGG	TGCGCTT	AAAAAT
B	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATGGG	AAATA	AAAAATTT	TGTGCA	AGTCAG	AGAAGG	TGCGCTT	AAAAAT
C	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATGGG	AAATA	AAAAATTT	TGTGCA	AGTCAG	AGAAGG	TGCGCTT	AAAAAT
D	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATGGG	AAATA	AAAAATTT	TGTGCA	AGTCAG	AGAAGG	TGCGCTT	AAAAAT
E	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATGGG	AAATA	AAAAATTT	TGTGCA	AGTCAG	AGAAGG	TGCGCTT	AAAAAT
F	CAGAACT	TGTTACT	CAATTTA	TATGGG	AAATA	AAAAATTT	TGTGCA	AGTCAG	AGAAGG	TGCGCTT	AAAAAT

Fig. 9M

	3910	3920	3930	3940	3950	3960	3970	3980	3990	4000
A	CACACTTTTCATGACCTCAAAATGTGGGGCCAGCCTAGGTTCAGCCAAACCCCATCCAAACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
B	CACACTTTTCATGACCTCAAAATGTGGGGCCAGCCTAGGTTCAGCCAAACCCCATCCAAACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
C	CACACTTTTCATGACCTCAAAATGTGGGGCCAGCCTAGGTTCAGCCAAACCCCATCCAAACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
D	CACACTTTTCATGACCTCAAAATGTGGGGCCAGCCTAGGTTCAGCCAAACCCCATCCAAACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
E	CACACTTTTCATGACCTCAAAATGTGGGGCCAGCCTAGGTTCAGCCAAACCCCATCCAAACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
F	CACACTTTTCATGACCTCAAAATGTGGGGCCAGCCTAGGTTCAGCCAAACCCCATCCAAACCTTAGACTCACGAACAAATCCACCTGAGATCAGCAGAGCCA									
	4010	4020	4030	4040	4050	4060	4070	4080	4090	
A	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAAATAAAAAAAGAAAGCACCTGCCCCGGCGCGCGCCC									
B	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAAATAAAAAAAGAAAGCACCTGCCCCGGCGCGCGCCC									
C	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAAATAAAAAAAGAAAGCACCTGCCCCGGCGCGCGCCC									
D	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAAATAAAAAAAGAAAGCACCTGCCCCGGCGCGCGCCC									
E	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAAATAAAAAAAGAAAGCACCTGCCCCGGCGCGCGCCC									
F	CCCTAGATCAGCTGAAACTCTAAGCACAAAAATAAAAACTTATCAGTGTAAAAAATAAAAAAAGAAAGCACCTGCCCCGGCGCGCGCCC									

Fig. 9N

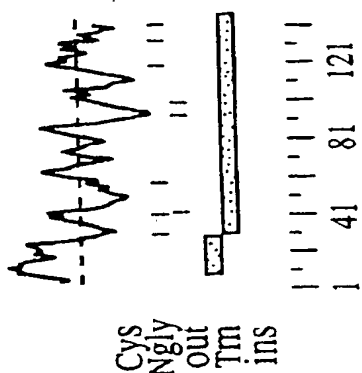


Fig. 10A

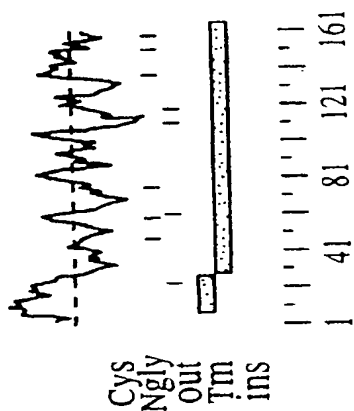


Fig. 10B

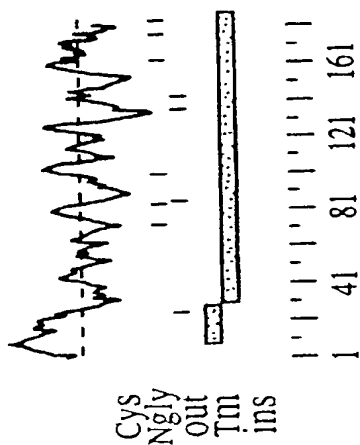


Fig. 10C

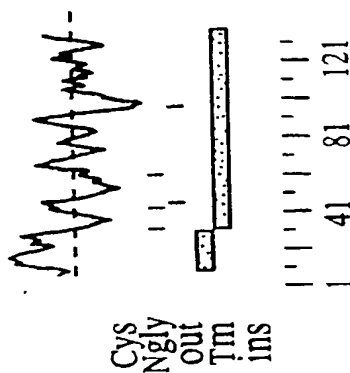


Fig. 10D

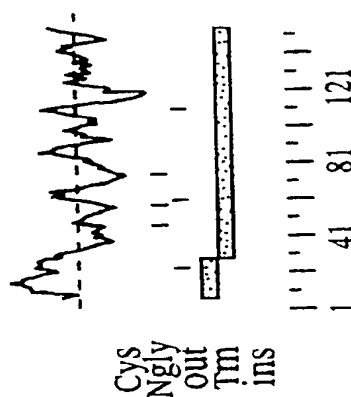


Fig. 10E

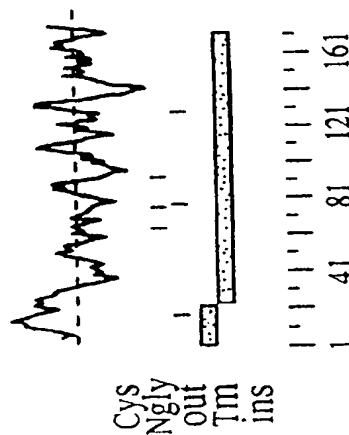


Fig. 10F

```
MI289  . . . . . ATGAACTGGCACATGATCATCTCGGGGCTTATCGTAGTAGTCAAAAGTTGTTGGAATG 60
      |||||
HI289  ATGAACTGGCACATGATCATCTCGGGCTTATCGTAGTAGTCAAAAGTTGTTGGAATG 60

MI289  . . . . . ACCTTTCTGCTGTATTCTCCACAGGTTTTTGGCAAAAGTAATGATGGCTTCGTCCCC 120
      |||||
HI289  ACCTTTCTGCTGTATTCTCCACAGGTTTTTAAACAAAGTAACGATGGTTTCACCACC 120

MI289  . . . . . ACGGAGAGCTACGGAACCACTAGTGTGCAGAAATGTCTCACAGATCTTTGGGAGAAATGAC 180
      |||||
HI289  ACCAGGAGCTATGGAACA-----GTCTCACAGATTTTGGGAGCAGTTCCCCAAGTCCC 174

MI289  . . . . . GAAAGTACCATGCCCTACAAGGAGCTATGGAACAGTCTGTCCCAGAAACTGGGATTTTCAC 240
      |||||
HI289  AACGGCTTCATTACCACAAGGAGCTATGGAACAGTCTGCCCCCAAAGACTGGGAATTTTAT 234

MI289  . . . . . CAAGGAAAAATGCTTTTCTCTCCTTCTCCGAATCACCTTGGAAGACAGCATGGATTAT 300
      |||||
HI289  CAAGCAAGATGTTTTTCTTATCCACTTCTGAATCATCTTGGAATGAAGCAGGGACTTT 294
```

Fig. 11A

MI289 TGTGCAACACAAGGATCCACACTGGCAATTGTCAACACTCCAGAGAAACTGAAGTATCTT 360
|| | ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||
HI289 TGCAAGGAAAGGATCCACATTTGGCAATTGTCAACACGCCAGAGAAACTGAAGTTTCTT 354

MI289 CAGGACATAGCTGGTATTGAGAAATTACTTTATTTGGTTTGGTACGTCAGCCTGGAGAGAAA 420
||||||| ||| | ||||||| || ||||||| || ||||||| || ||||||| || ||||||| || |||||||
HI289 CAGGACATAACTGATGCTGAGAAAGTATTTTATTTGGCTTAATTTACCATCGTGAAGAGAAA 414

MI289 AAGTGGCGCTGGATCAACAACACTCTGTGTTCATGGCAATGTTACCAATCAGGACCAGAAC 480
| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||
HI289 AGGTGGCGTTGGATCAACAACACTCTGTGTTCATGGCAATGTTACATCATCCAATCAGAAAT 474

MI289 TTGCGACTGTGTCACTATAGGTCTGACGAAGACATATGATGCTGTCATCATGTGAAGTCAGC 540
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
HI289 CAGAAATTCAACTGTGCGGACCATTGGCCCTAACAAAAGACATTTGATGCTGGTGACATCAGC 534

MI289 TATCGCTGGATCTGCGGAAATGAATGCCAAA 570
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
HI289 TACCGCAGGATCTGTGAGAAGAAATGCCAAA 564

Fig. 11B

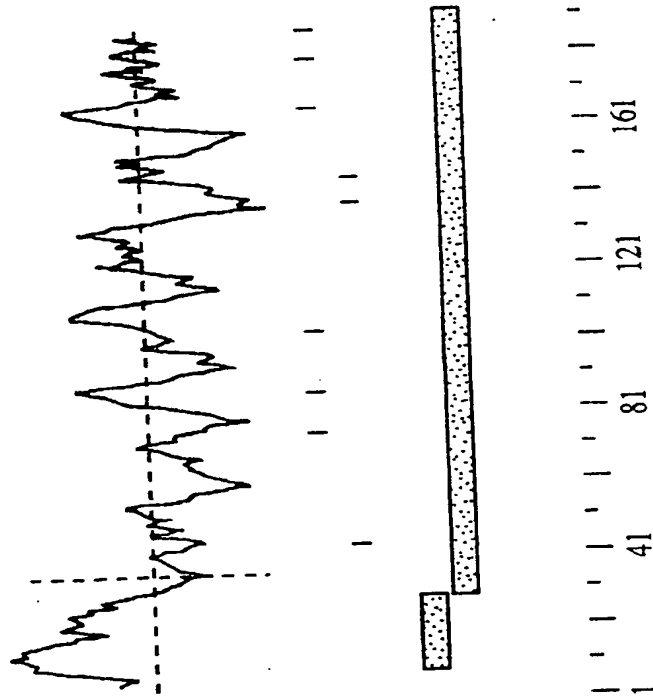


Fig. 12

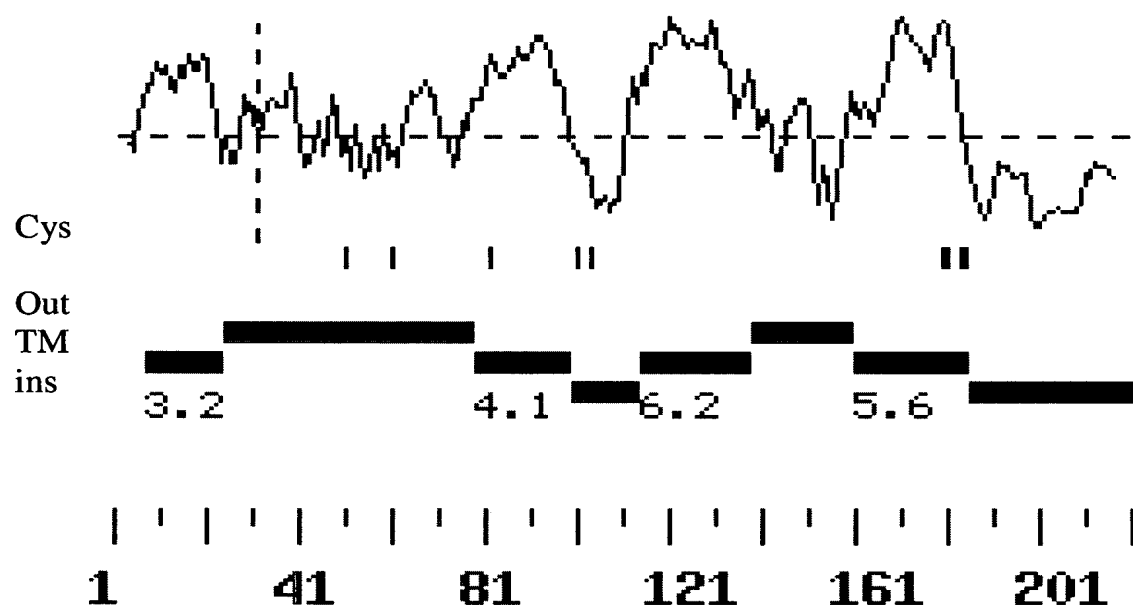


Fig. 13

```
DKFZ G-----GGGCA-----
:
:      :
:      :
I309 GCTGTTTC TTGGTGGTGGGACACAGTGGCTGTCACTGTCAATGCCCTCAGTGGAGAGTGTCG
      10      20      30      40      50      60      70
DKFZ -----
I309 GCCTTCATTGAAAAACAATCGTGGTTTTTGAAAACTTCTGGGAAGGACTGTGGATGAATTGCCGTGAGGC
      80      90      100     110     120     130     140
DKFZ -----
I309 AGGCTAACATCAGGATGCAGTGCAAAATCTATGATTCCTCTGCTGGCTCTTTCTCCGGACCTACAGGCAGC
      150     160     170     180     190     200     210
DKFZ -----
I309 CAGAGGACTGATGTGTGCTTCCGTGATGTCCCTTCTTGGCTTTTCATGATGGCCATCCTTGGCATGAAA
      220     230     240     250     260     270     280
DKFZ -----
I309 TGCACCAGGTGCACGGGGACAAATGAGAAGGTGAAGGCTCACATTTCTGTGACGGCTGGAATCATCTTCA
      290     300     310     320     330     340     350
```

Fig. 14A

DKFZ -----
I309 TCATCACGGGCATGGTGGTGCTCATCCCTGTGAGCTGGGTTGCCAATGCCATCATCAGAGATTTCATATAA
360 370 380 390 400 410 420
DKFZ -----
I309 CTCAATAGTGAATGTGCCCAAAACGTGAGCTTGGAGAAAGCTCTCTACTTAGGATGGACCAACGGCACTG
430 440 450 460 470 480 490
DKFZ -----
I309 GTGCTGATTGTTGGAGGAGCTCTGTCTCTGCTGCGTTTTTTTGTGCAACGAAAAGAGCAGTAGCTACAGAT
500 510 520 530 540 550 560
DKFZ -----
I309 ACTCGATACCTTCCCATCGCACAAACCCAAAAAGTTATCACACCGGAAAGAAGTCACCCGAGCGTCTACTC
570 580 590 600 610 620 630
DKFZ -----
I309 CAGAAGTCAGTATGTGTAGTTGTGTATGTTTTTTTAACTTTACTATAAAGCCATGCAATGACAAAAATC
640 650 660 670 680 690 700

Fig. 14B

[illegible]

Fig. 14C

```
170      180      190      200      210      220      230
DKFZ ACATAGATGAGTGTAACATTTATATCTCACATAGAGACATGCTTATATGGTTTTATTATAAAATGAAATGC
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 ACATAGATGAGTGTAACATTTATATCTCACATAGAGACATGCTTATATGCTTTTATTATAAAATGAAATGC
      990      1000      1010      1020      1030      1040      1050

      240      250      260      270      280      290      300
DKFZ CAGTCCATTACACTGAATAAATAGAACTCAACTATTGCTTTTCAGGGGAAATCATGGATAGGGTTGAAGAA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 CAGTCCATTACACTGAATAAATAGAACTCAACTATTGCTTTTCAGGGGAAATCATGGATAGGGTTGAAGAA
      1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120

      310      320      330      340      350      360      370
DKFZ GGTTACTATTAAATTGTTTTTAAAAACAGCTTAGGGATTAATGTCCTCCATTATAATGAAGATTAAAAATGA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 GGTTACTATTAAATTGTTT-AAAAACAGCTTAGGGATTAATGTCCTCCATTATAATGAAGATTAAAAATGA
      1130      1140      1150      1160      1170      1180

      380      390      400      410      420      430      440
DKFZ AGGCTTTAATCAGCATTTGTAAAGGAAATTGAATGGCTTTCTGATATGCTGTTTTTAGCCTAGGAGTTAG
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 AGGCTTTAATCAGCATTTGTAAAGGAAATTGAATGGCTTTCTGATATGCTGTTTTTTAGCCTAGGAGTTAG
      1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
```

Fig. 14D


```
730      740      750      760      770      780      790
DKFZ AGGTTTCATCAATATAATAAAGAGCAGAAAAATATGTCCTTGGTTTTCATTTGCTTACCAAAAAACAA
      :
I309 AGGTTTCATCAATATAATAAAGAGCAGAAAAATATGTCCTTGGTTTTCATTTGCTTACCAAAAAACAA
1540 1550 1560 1570 1580 1590 1600

      800      810      820      830      840      850      860
DKFZ CAACAAAAAGTTGTCCCTTTGAGAACTTCACCTGCTCCTATGTGGGTACCTGAGTCAAAATTGTCATTT
      :
I309 CAACAAAAAGTTGTCCCTTTGAGAACTTCACCTGCTCCTATGTGGGTACCTGAGTCAAAATTGTCATTT
1610 1620 1630 1640 1650 1660 1670

      870      880      890      900      910      920      930
DKFZ TTGTTCTGTGAAAAATAAATTCCTTCTTGTAACCATTTCTGTTTTAGTTTACTAAAACTGTAAATACTG
      :
I309 TTGTTCTGTGAAAAATAAATTCCTTCTTGTAACCATTTCTGTTTTAGTTTACTAAAACTGTAAATACTG
1680 1690 1700 1710 1720 1730 1740

      940      950      960      970      980      990      1000
DKFZ TATTTTCTGTTTATTCCAAATTTGATGAAACTGACAAATCCAATTTGAAAGTTTGTGTCGACGTCGTCT
      :
I309 TATTTTCTGTTTATTCCAAATTTGATGAAACTGACAAATCCAATTTGAAAGTTTGTGTCGACGTCGTCT
1750 1760 1770 1780 1790 1800 1810
```

Fig. 14F

```
1010      1020      1030      1040      1050      1060      1070
DKFZ AGCTTAAATGAATGTGTTCTATTTTGCTTTTATACATTTTATATAAATTGTACATTTTTCCTCAAAAAAAA
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
I309 AGCTTAAATGAATGTGTTCTATTTGCTTTTATACATTTTATATAAATTGTACATTTTTCCTCAAAAAAAA
1820      1830      1840      1850      1860      1870      1880

1080      1090
DKFZ AAAAAAAAAA-----
      ::::::::::::::
I309 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
1890      1900
```

Fig. 14G

Fig. 15B


```

      820      830      840      850      860      870      880
I309 TCAGCAGAATGAGATATTAAACCCCAATGCTTTGATTGTTCTAGAAAGTATAGTAATTGTGTTTCTAAGGT
CLAUD8 -----

      890      900      910      920      930      940      950
I309 GGTCAAGCATCTACTCTTTTATCATTTACTTCAAAATGACATTGCTAAAGACTGCATTATTTTACTAC
CLAUD8 -----

      960      970      980      990      1000      1010      1020
I309 TGTAATTTCTCCACGACATAGCATTTATGTACATAGATGAGTGAACATTTATATCTCACATAGAGACATG
CLAUD8 -----

     1030     1040     1050     1060     1070     1080     1090
I309 CTTATATGGTTTATTTAAATGAAATGCCAGTCCATTACACTGAAATAAATAGAACTCAACTATTGCTTT
CLAUD8 -----

     1100     1110     1120     1130     1140     1150     1160
I309 TCAGGGAATCATGGATAGGGTTGAAGAAGGTTACTATTAAATTGTTTAAAAACAGCTTAGGGATTAATGT
CLAUD8 -----
```

Fig. 15D

1170	1180	1190	1200	1210	1220	1230
I309	CCTCCATTAT	AATGAAGATT	AAATGAAGCTT	TAATCAGCAT	TGTAAAGGAA	ATTGAATGGCTTCTG
CLAUD8	-----					
1240	1250	1260	1270	1280	1290	1300
I309	ATATGCTGTT	TTTAGCCTAG	GATTAGAAAT	CCTAACTTCT	TATCCTCTTC	CCCCAGAGGCTTTTTT
CLAUD8	-----					
1310	1320	1330	1340	1350	1360	1370
I309	TTCTTGTTAT	TAAATTAACAT	TTTTTAAAGC	AGATATTTTG	TCAAGGGGCT	TTGCATTCAAACGTGCTT
CLAUD8	-----					
1380	1390	1400	1410	1420	1430	1440
I309	TTCCAGGGCT	ATACTCAGAA	GAAGATAAAAG	TGTGATCTAAG	AAAAAGTGAT	GGTTTAGGAAAGTGAA
CLAUD8	-----					

Fig. 15E

```

1450      1460      1470      1480      1490      1500      1510
I309 AATATTTTGTGTTTGTATTTGAAGAAGAAATGATGCATTTTGACAAGAAATCATATATGTATGGATATAT
CLAUD8 -----
1520      1530      1540      1550      1560      1570      1580
I309 TTTAATAAGTATTTGAGTACAGACTTTGAGGTTTCATCAATATAAAATAAGAGCAGAAAAATATGTCTT
CLAUD8 -----
1590      1600      1610      1620      1630      1640      1650
I309 GGTTTTCATTTGCTTACCACAAAAACAACAAGTTGTCCTTTTGAGAACTTCACCTGCTCCTAT
CLAUD8 -----
1660      1670      1680      1690      1700      1710      1720
I309 GTGGGTACCTGAGTCAAAAATTGTCATTTTGTGTTCTGTGAAAAATAAAATTCCTTCTTGTAACCATTTCTGT
CLAUD8 -----
1730      1740      1750      1760      1770      1780      1790
I309 TTAGTTTACTAAAAATCTGTAAATACTGTATTTTCTGTTTATTCCAAATTGATGAAACTGACAAATCCA
CLAUD8 -----
```

Fig. 15F

	1800	1810	1820	1830	1840	1850	1860
I309	ATTGAAAGTTTGTGTCGACGTC	GTCTAGCTTAAATGAATGTGTTCT	ATTTGCTTTATACATTTATATT				
CLAUD8	-----						
I309	AATAAATTGTACATTTTCTAAAAA						
CLAUD8	-----						

Fig. 15G

I309LFLGGVGMVGTVAVTMPQWRVSAFIENNIVVFENFW EGL 40
hCPE MASMGLQVMGIALAVLGWLAVMLCCALPMWRVTAFIGSNI VTSQTIW EGL 50
mCPE MASMGLQVLGISLAVLGWLGIILSCALPMWRVTAFIGSNI VTAQTSW EGL 50
rRPV .MSMSLEITGTSLAVLGWLCTIVCCALPMWRVS AFIGSSIITAQITW EGL 49

I309 WMNCVRQANIRMQCKIYDSL LALSPDLQAARGLMCAASVMSFLAFM MAIL 90
hCPE WMNCVVQSTGQMCKVYDSL LALPQDLQAARALV IISIIVAALGVLLSVV 100
mCPE WMNCVVQSTGQMCKMYDSL LALPQDLQAARALMV IISIIVGALGMLLSVV 100
rRPV WMNCV.QSTGQMCKMYDSL LALPQDLQAARALIVV SILLAAFGLLVALV 98

I309 GMKCTRCTGDNEKVKAHILLTAGIIFIITGMVVLI PVSWVANAIIRDFYN 140
hCPE GGKCTNCLED.ESAKAKTMIVAGVVFLLAGLMVIVPVSWTAHNI IQDFYN 149
mCPE GGKCTNCMED.ETVKAKIMITAGAVFIVASMLIMVPVSWTAHNVI RDFYN 149
rRPV GAQCTNCVQD.ETAKAKITIVAGVFL LLA AVLTLVPVSWSANTIIRDFYN 147

I309 SIVNVAQKRELGEALYLGWTTALVLIVGGALFCCVFCCKNEKSSSYRYSIP 190
hCPE PLVASGQKREMGASLYVGWAAAGLLLLGGGLLCC.NCPRTDKPYS AKYS 198
mCPE PMVASGQKREMGASLYVGWAAAGLLLLGGGLLCCSCPPRSNDKPYS AKYS 199
rRPV PLVPEAQKREMG TGLYVGWAAALQLLGGALLCCSCPPREKYAPT KILYS 197

I309 SHRTTQKSYHTGKKSPSVYSRSQYV 215
hCPE AARSAAAASNYV..... 209
mCPE AARSVPASNYV..... 210
rRPV APRSTGPGTGTAYDRKTTSERPGARTPHHHHYQPSMYPTRPACSLASET 248

Fig. 17

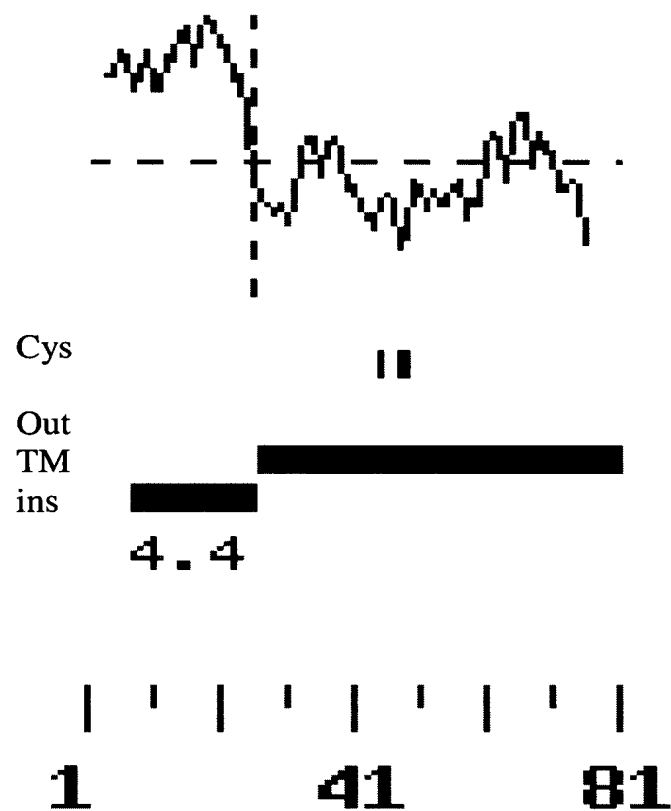


Fig. 18

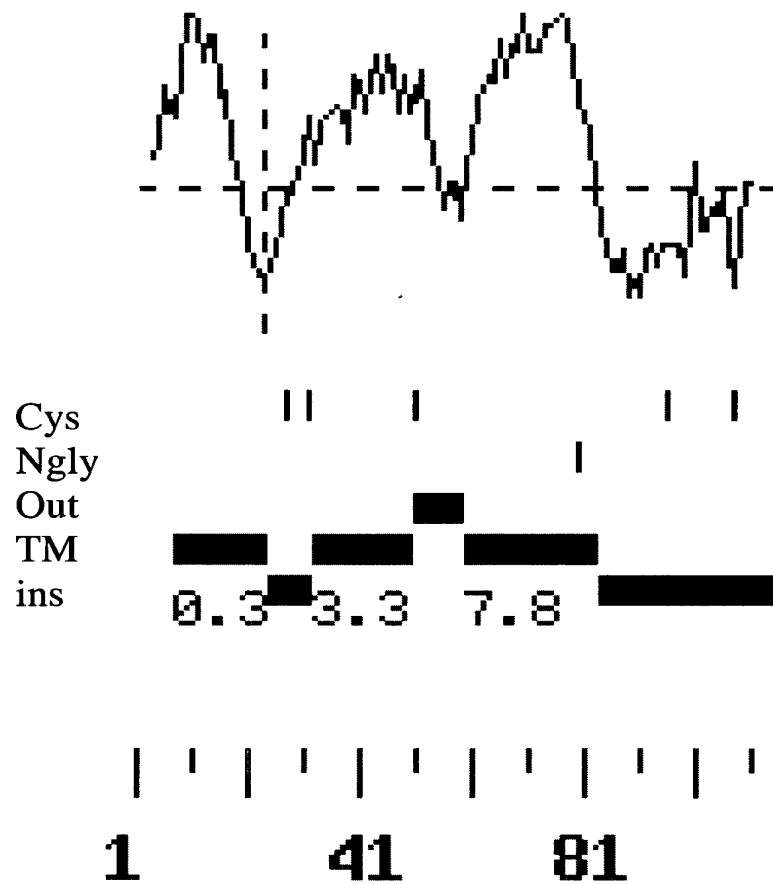


Fig. 19

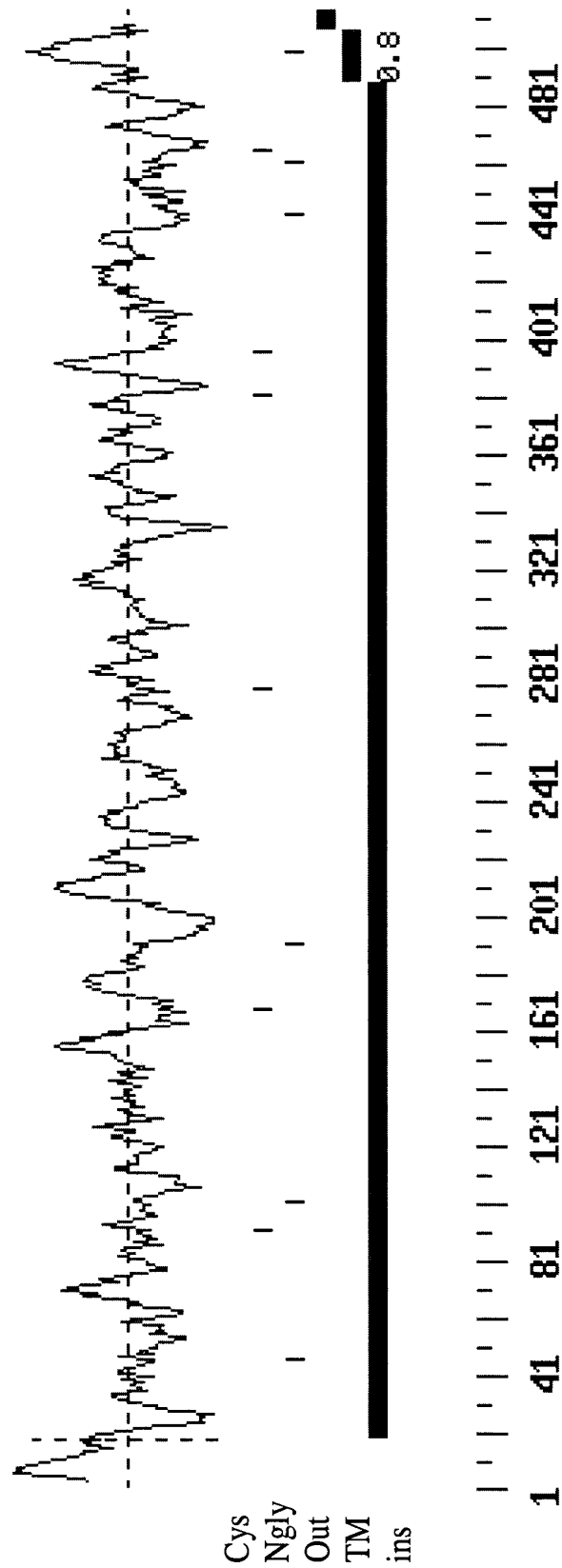


Fig. 20

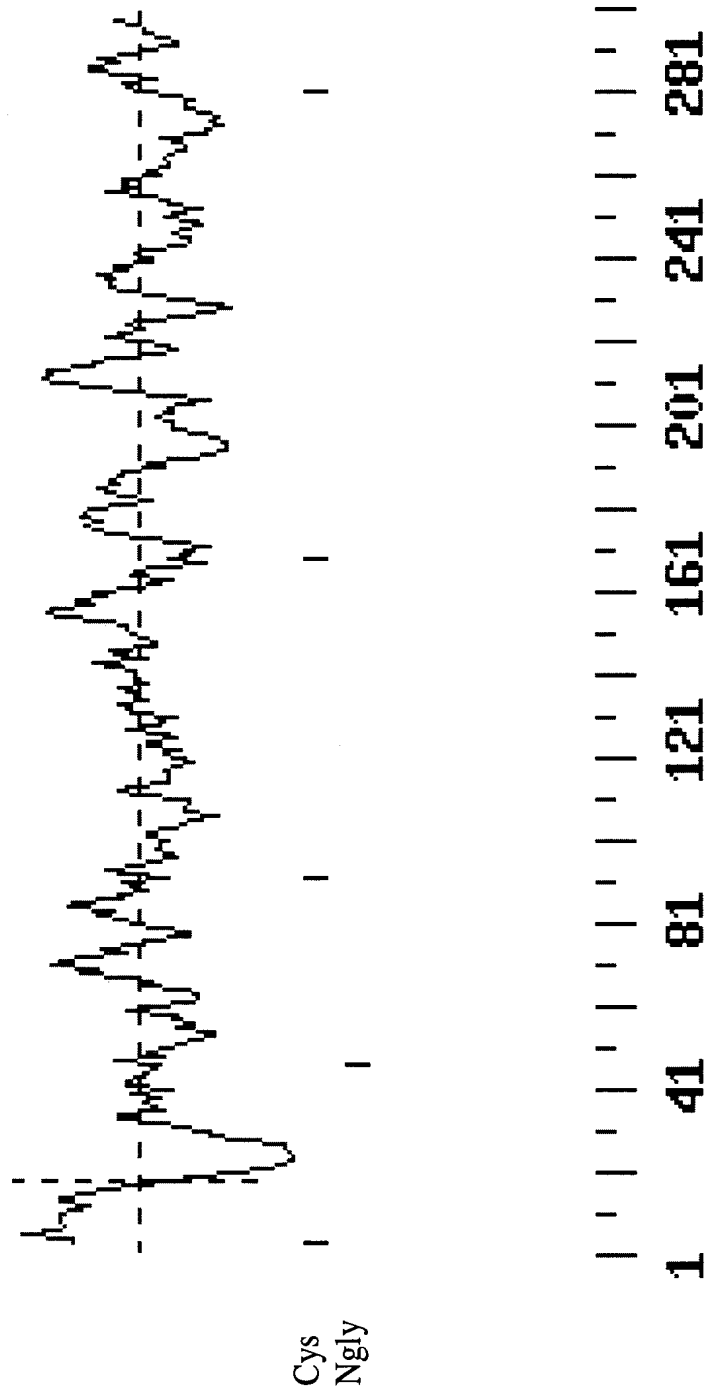


Fig. 21

human	10	20	30	40	50	60
	MKRLLLFLFFITFSSAFPLVRMTENEENMQLAQAYLNQFYSLEIEGNHLVQSKNRS	LIDDKI				
murine	10	20	30	40	50	60
	MKCLLSLMVNFITLSAAFPDPDRKDKNEENNQLAQAYLNQFYSLEIEGSHFVQSKNRS	FLFDGKL				
human	70	80	90	100	110	120
	REMQAFFGLTVTGKLDSENTLEIMKTPRCGVDPDVGQGYTLPGWRKYNLT	YRIIN	YTPDMARAAVDEA	IQE		
murine	70	80	90	100	110	120
	REMQAFFGLTVTGKLDSDTLAIMKVPRCGVPDVGQGYTLPGWRKYS	LT	YRIMNYTPDMTPADVDEA	IQK		
human	140	150	160	170	180	190
	GLEVWSKVTPPLKFTKISKGIADIMIAFRTRVHGRCPRYFDG	PLGVLGHAFPPG	PLGGDTHFDE	DENW-T		
murine	140	150	160	170	180	190
	ALQVWSKVTPPLTFTTRISKGVADIMIAFRRTGVHGWCP	RHFDG	PLGVLGHAFPPG	PLGGDTHFDE	DETWIA	
human	210	220	230	240	250	260
	KDGAGFNFLVA	AHEFGHALGLSHSNDQTALMF	PNYVSLDPRKYPLSQDD	INGIQSIYGG	LPKVPAKPKE	
murine	210	220	230	240	250	260
	KDGEFNFLVA	AHEFGHSLGLSHSNDQTALMF	PNYISLDPSKYPLSQDD	IDGIIQSIYGS	PPKVTTKPSG	

Fig. 22A

human	PTIPHACDPDLTFFDAITTTFRREVMFFKGRHLWRIYYDITDVEFELIASFWPSLPADLQAAAYENPRDKILV	280	290	300	310	320	330	340
murine	NSEPHACDPDLTFFDAITTTFRREVMFFKGRHLWRIYYDITDVEFELIASFWPSLPADLQAAAYENPRDKILV	280	290	300	310	320	330	340
human	FKDENFWMIRGYAVLPDYPKSIHTLGFPGRVKKIDAAVCDKTTTRKTYFFVGIWCWRFDEMTQTMDKGFPPQ	350	360	370	380	390	400	410
murine	FKDENFWVIRGYSVLPDYPKSIHTLGFPGRVKKIDAAVCDKTTTRKTYFFVGIWCWRFDEMTQTMDKGFPPQ	350	360	370	380	390	400	410
human	RVVKHFPGISIRVDAAAFQYKGGFFFSRGSKQFEYNIKTNITRIMRTNTWFQCKEKPKNSSFGFDINKEKA	420	430	440	450	460	470	480
murine	RIIKCFPGIRLRVDVAFQYKGGFFFSRGSKQFEYDMKAKNITQVIKTNSWFLCNEPLNASFNVSV-KGKA	420	430	440	450	460	470	480
human	HSGGIKILYHKSLSLFIFGIVHLLKNTSIYQ	490	500	510				
murine	NSIGTVILHHKRLSLTTFISIVHVLTKTYN	490	500	510				

Fig. 22B


```

human 290 300 310 320 330 340 350
CTCAAACACCCCTTGAGATCATGAAGACACCCAGGTGTGGGTGCCTGATGTGGGCCAGTATGGCTACACC
::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: :::
murine 260 270 280 290 300 310 320
TTCAGACACACTTGGCATCATGAAGTGCCAGGTGTGGGTACCCAGATGTGGGGCAATATGGCTACACA

human 360 370 380 390 400 410 420
CTCCCTGGGTGGAGAAAATACAAACCTCACCTACAGAAATAATAAACTATACTCCGGATATGGCAGAGCTG
::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: :::
murine 330 340 350 360 370 380 390
CTCCCTGGGTGGAGAAAATACAGCCTTACATACAGAAATAATGAACTATACTCCTGATATGACACCCAGCTG

human 430 440 450 460 470 480 490
CTGTGGATGAGGCTATCCAAAGAGGTTTAGAAGTGTGGAGCAAAGTCACTCCACTAAAAATTCACCAAGAT
::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: :::
murine 400 410 420 430 440 450 460
ATGTGGATGAGGCTATTCAGAAAAGCTCTACAAGTTTGGAGCAAAGTCACTCCACTGACGTTTACCAGGAT

human 500 510 520 530 540 550 560
TTCAAAGGGGATTGCAGACATCATGATTGCCCTTTAGGACTCGAGTCCATGGTCGGTGTCCCTCGCTATTTT
::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: ::: :::
murine 470 480 490 500 510 520 530
ATCCAAGGGGTTGCAGATATAAATGATAGCATTCAGGACACAGGAGTCCATGGCTGGTGTCCCTCGTCACTTT
```

Fig. 23B

Fig. 23C

human	840	850	860	870	880	890	900
	AGGTACCTGCTAAGCCAAAGGAACCCACTATACCCCATGCCTGTGACCCCTGACTTGTGACGCTAT						
murine	820	830	840	850	860	870	880
	AGGTAACCAACCAAGCCAAGTGGAATTTCTGAACCCACGCTGTGACCCACCTTGTGATGCTAT						
human	910	920	930	940			
	CACAACTTTCCGCAGAGAGTAATGTTCTTTAAAGGCAGG-----						
murine	890	900	910	920	930	940	950
	CACTACTTTCCGCAGGGAAGTTATGTTCTTTAAAGGCAGGTAAACCTATTCCCTTGACACTCCAGCTTCT						
human	-----						
murine	960	970	980	990	1000	1010	1020
	TATAAAGATGTTTTTTTTTTTCAAAAGGATCTCCGGATAAACAGTCTTCTACTCAGCTAGAAAGCCAGTTG						
human	-----						
murine	1030	1040	1050	1060	1070	1080	1090
	CTGAGCATGTACCAGTACATCAGCAAGAGATTCTTCTCAAGAAACAATGTAGAAAAACAATCAAGAAAA						

Fig. 23D

```

950 -----
human -----

murine CACCCAAGGGCAACCTGCAGCCTCCACACACATAAGCACACATGCATTCACATGTATGCCCCACATATGTGA
1100 1110 1120 1130 1140 1150 1160

human -----

murine ACATGTAGGCACACATGCATGCATACCACAAACCACAAACTTAAGACTGAAACATGCTGATGGACACACAGG
1170 1180 1190 1200 1210 1220 1230

human -----
                               960 970
                               -----CACCTATGGAGGATCTATTATGATATCA
                               ::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine TACCAGGACATCATTGATGAATAATTTGTGTTTAATGCAGGCACCTTATGGAGGCTCTACTCTGATATTG
1240 1250 1260 1270 1280 1290 1300

human 980 990 1000 1010 1020 1030 1040
CGGATGTTGAGTTTGAAATTAATTGCTTTCATCTGGCCATCTCTGCCAGCTGATCTGCAAGCTGCATACGA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine CTGGTGCTGAGTTTGAGTTTATTGATTCCCTTCTGGCCATCTCTGCCAGCTGATCTTCAAGCTGCCCTATGA
1310 1320 1330 1340 1350 1360 1370
```

Fig. 23E

1050	1060	1070	1080	1090	1100	1110
human	GAACCCAGAGATAAGATTCTGGTTTAAAGATGAAAACTTCTGGATGATCAGAGGATATGCTGCTTG					

murine	AAGCCCAAGAGATGAGCTCCTTGTAAAGATGAGAAATTTCTGGGTCATCAGGGGATATCTGTCTTG					
1380	1390	1400	1410	1420	1430	1440
1120	1130	1140	1150	1160	1170	1180
human	CCAGATTATCCCAAATCCATCCATACATTAGGTTTCCAGGACGTGTGAAGAAATAGATGCAGCCGCTCT					

murine	CCCGGTTACCCCAAATCCATCCACACACTCGGATTTCCAAGACGTGTGAAGAAATTTGATGCAGCCGCTCT					
1450	1460	1470	1480	1490	1500	1510
1190	1200	1210	1220	1230	1240	1250
human	GTGATAAGACCAACAAGAAAACCTACTTCTTGTGGGCATTTGGTCTGGAGGTTTGATGAAATGACCCA					

murine	GTGATCATGATACAAAGAAAACCTTCTTTTGTGTGGCATCTGGTCTGGAGGTATGATGAGATGGCACA					
1520	1530	1540	1550	1560	1570	1580
1260	1270	1280	1290	1300	1310	1320
human	AACCATGGACAAAGGATTCCCGCAGAGAGTGGTAAACACTTTCCTGGAATCAGTATCCGTGTTGATGCT					

murine	AGCAATGGACAGAGGATTCCCAACAGAGGATAATAAAGTGCTTCCCCAGGAATTCGCCCTCCGTGTTGATGCT					
1590	1600	1610	1620	1630	1640	1650

Fig. 23F


```

1670
human  TAACAACAA-----
      :.:.:.:.:
murine TAGCATCAAGTTCTTACTCCTACTATATATCAGCTGGGTAACCAATAACCAGTTAAAGTATCTGATTCCTT
      2220  2230  2240  2250  2260  2270  2280

-----
human  -----
murine CTAACAGTGAAAGTTTAAATATGACAAAAATCTCTCACTTATTTTGAGTCTAATTAATGATTTGCAAACT
      2290  2300  2310  2320  2330  2340  2350

-----
human  -----
murine TGGAAAAATTAAAGCATGTCTTAAAAATAAACATTAAGACAAATTTCTTAATCCAAAAAATAAAAAA
      2360  2370  2380  2390  2400  2410  2420

1680
human  -----AAATAAAAAA
      :.:.:.:.:
murine AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
      2430  2440  2450  2460
```

Fig. 23I

Replacement Sheet 87 of 213

Fig. 24A

Fig. 24B

Fig. 25A

[illegible]

Fig. 25B

```

550      560      570      580      590      600      610
210 CCTTCCCTCCGGTCCGGGTCGGGTGACACTCATTTTGATGAGGATGAAACTGGACCAAGGATGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 CCTTTCAGCCAGGCCAAGGTATTGGAGGAGATGCTCATTTTGATGCCGAAACAATGGACCAACACCTC
550      560      570      580      590      600      610

620      630      640      650      660      670      680
210 AGCAGGATTCAACTTGTTTCTTGTTGGCTGCTCATGAATTTGGTCATGCACTGGGGCTCTCTCACTCCAAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 CGCAAAATTACAACCTTGTTTCTTGTTGCTGCTCATGAATTTGGCCATTCTTTGGGGCTCGCTCACTCCTCT
620      630      640      650      660      670      680

690      700      710      720      730      740      750
210 GATCAAAACAGCCTTGATGTTCCCAAATTATGTCTCCCTGGATCCCAGAAAAATACCCACTTTCCTCAGGATG
      : : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 GACCCCTGGTGCCTTGATGTATCCCAACTATGCTTTCAGGGAACCAAGCAACTACTCACTCCCTCAAGATG
690      700      710      720      730      740      750

760      770      780      790      800      810      820
210 ATATCAATGGAATCCAGTCCCATCTATGGAGGTCTGCCTAAGGTACCTGCTAAGCCAAAGGAACCCACTAT
      : : : : : : : : : : : : : : . . : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 ACATCGATGGCATTCAGGCCCATCTATGGA---CTTTCAAGCAACCCCTATCCAACCTACTGGACCAAGCAC
760      770      780      790      800      810      820
```

Fig. 25C


```
1100      1110      1120      1130      1140      1150      1160
210 TAGGTTTCCAGGACGTGTGAAGAAATAGATGCAGCCGCTCTGTGATAAGACCACAAGAAAACCTACTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 ATGGCTTCCCCAGCAGCGTCCAAAGCAATTGACGCAGC-----TGTTTCTACAGAAGTAAACATACTT
1110      1120      1130      1140      1150      1160

1170      1180      1190      1200      1210      1220      1230
210 CTTTGTGGGCATTTGGTGTCTGGAGGTTTGATGAAATGACCCAAACCATGGACAAAGGATTCCCGCAGAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 CTTTGTAATGACCAATTCTGGAGATATGAT-----AACCAAAGACAATT-----CATGGAGC
1170      1180      1190      1200      1210      1220      1230

1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300
210 GTGGTAAACACTTTCCTGGAATCAGTATCCGTGTGATGCTGCTTCCAGTACAAAGGATTCTTCTTTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 CAGGT-----TATCCCAAAAGCA-TATC-----AGGTGC--CTTCCAGGAATAGAGAGTAAA-----
1220      1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300

1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370
210 TCAGCCGTGGATCAAAGCAATTGGAATACAAACATTAAGACAAAGAATATTACCCGAATCATGAGAACTAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
MMP-8 -----GTTGAT-----GCAGTTT---TCCAGCA-----AGAACATTTCTTC-----TTC-----
1270      1280      1290      1300
```

Fig. 25E

Fig. 25F

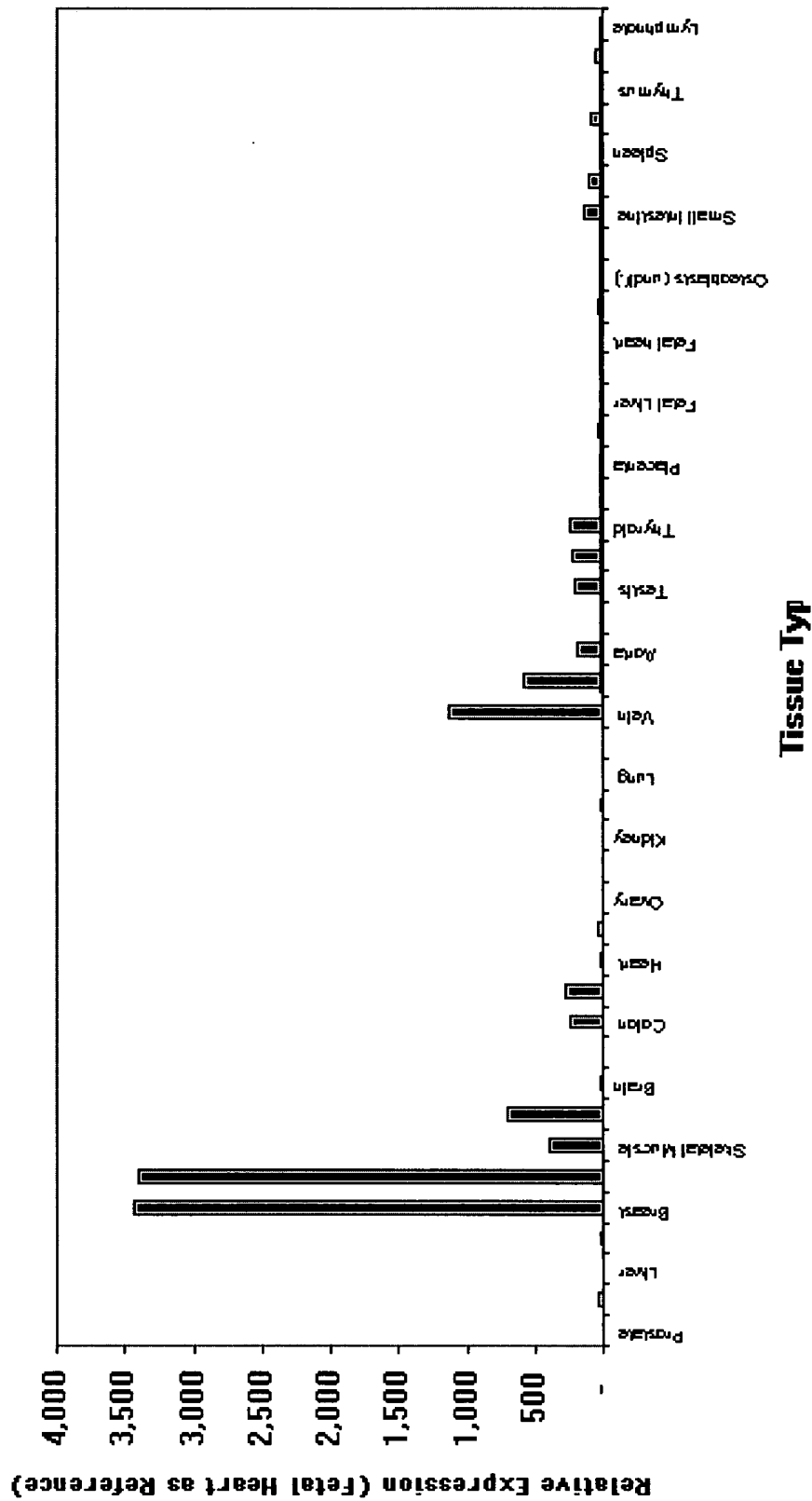


Fig. 26

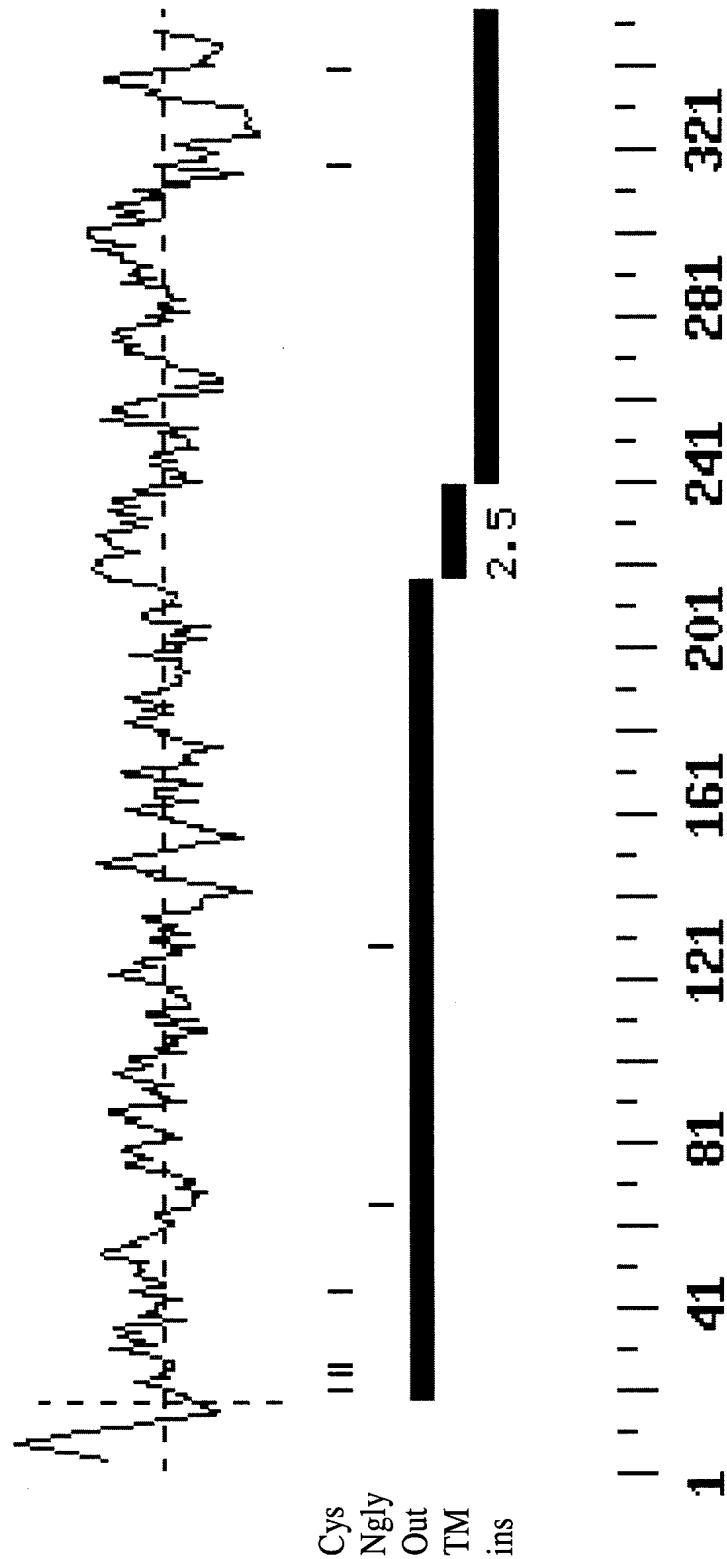


Fig. 27

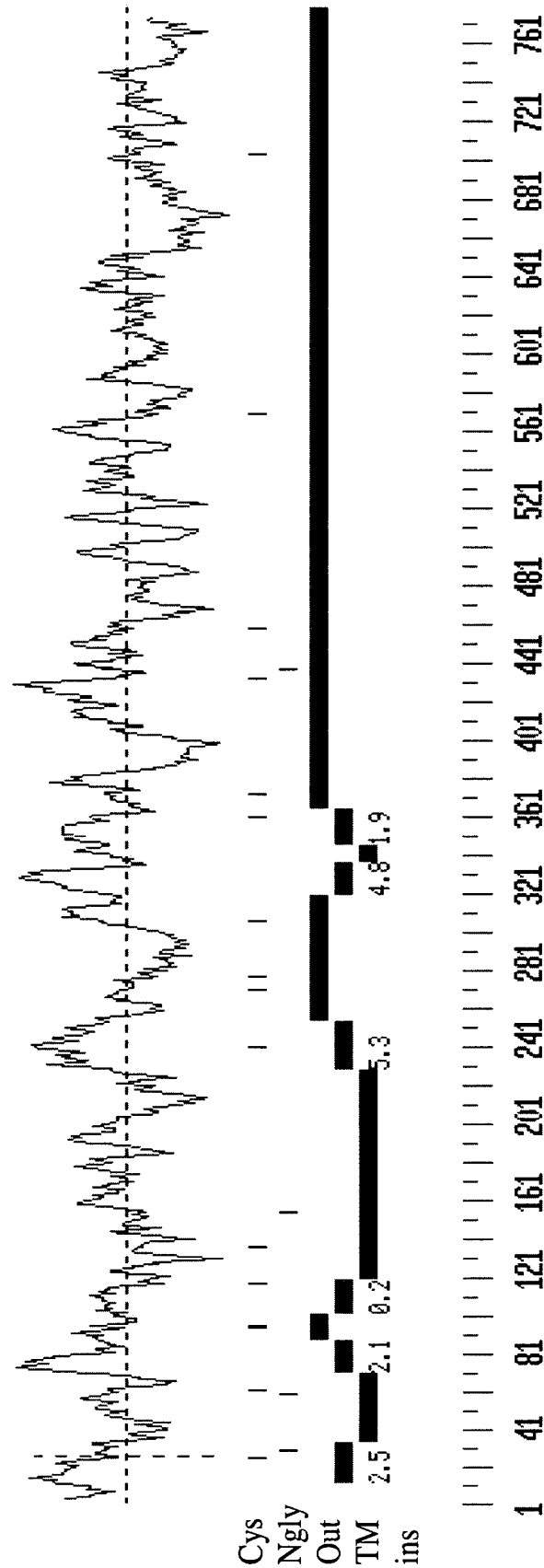


Fig. 28

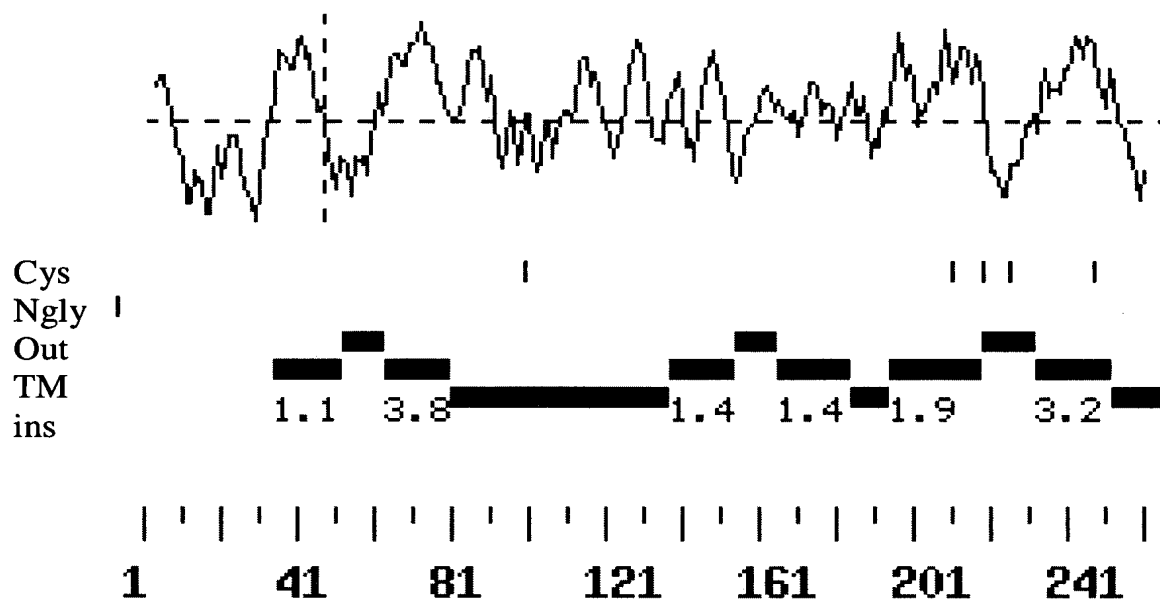


Fig. 29

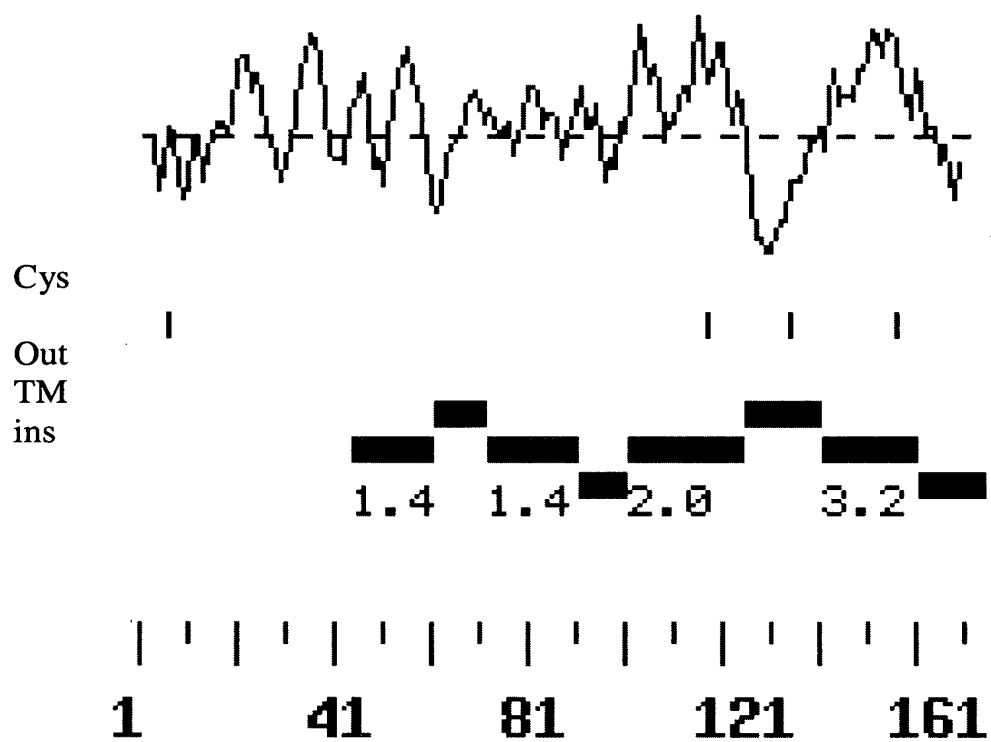


Fig. 30

human	MNMSVLTQLQEYEFKQFNENEAIQWMQENWKKSFLFSALYAAFIFGGRHLMNKRAKFEELRKPLVLWSLTLL	10	20	30	40	50	60	70
murine	-----							
human	AVFSIFGALRTGAYMVYILMTKGLKQSVCDQGFYNGPVSKEFWAYAFVLSKAPELGDTIFIFILRKQKLIFL	80	90	100	110	120	130	140
murine	-----LQQSVCDQSFYNGPVSKEFWAYAFVLSKAPELGDTIFIFILRKQKLIFL			10	20	30	40	
human	HWYHHITVLLYSWYSYKDMVAGGWFMTMNYGVHVMYSYYALRAAGFRVSRKFFAMFITLSQITQMLMGC	150	160	170	180	190	200	210
murine	-----							
human	VVNYLVFCWMQHD--QCHSHFQNIWFSSLMYLSYLVLFCHFFFEAYIGKMRKTTKAE	220	230	240	250	260		
murine	VINYLVFNWMQHDNDQCYSHFQNIWFSSLMYLSYLVLFCHFFFEAYIGKVKKATKAE	120	130	140	150	160	170	

Fig. 31

human	ATGAACATGTCAGTGTGACTTTACAGAATATGAATTCGAAAAAGCAGTTCAACGAGAATGAAGCCATCC	10	20	30	40	50	60	70
murine	-----							
human	AATGGATGCAGGAAAACCTGGAAGAAATCTTTCCTGTCTTCTGCTCTGTATGCTGCCCTTATATTCGGTGG	80	90	100	110	120	130	140
murine	-----							
human	TCGGCACCTAATGAATAAACGAGCAAAGTTTGAACTGAGGAAGCCATTAGTGCTCTGGTCTCTGACCCCTT	150	160	170	180	190	200	210
murine	-----							
human	GCAGTCTTCAGTATATTTCGGTGCTCTTCGAACTGGTGCTTATATGGTGTACATTTTGATGACCAAAGGCC	220	230	240	250	260	270	280
murine	-----							

Fig. 32A

Replacement Sheet 102 of 213

Fig. 32B

```

570      580      590      600      610      620      630
human  TTTCCGAGTCTCCCCGGAAGTTTGCCATGTTTCATCACCTTGTTCCAGATCACTCAGATGCTGATGGGCTGT
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
murine  TTTCCGAGTCTCCCCGGAAGTTTGCCATGTTTCATCACCTTGTTCCAGATCACTCAGATGCTGATGGGCTGT
      290      300      310      320      330      340      350

640      650      660      670      680      690
human  GTGGTTAACTACCTGGTCTTCTGCTGGATGCAGCATGAC-----CAGTGTCACTCTCACTTTCAGAAACA
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::: :::: ::::::::::::::
murine  GTCATTAACTACCTGGTCTTTCAACTGGATGCAGCATGACAACGACCCAGTGTCTACTCCCACCTTTCAGAAACA
      360      370      380      390      400      410      420

700      710      720      730      740      750      760
human  TCTTCTGGTCCCTCACTCATGTACCTCAGCTACCTTGTCCTCTTCTGCCATTCTCTTTGAGGCCCTACAT
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
murine  TCTTCTGGTCCCTCGCTCATGTACCTCAGCTACCTTGTCCTCTTCTGCCATTCTCTTTGAGGCCCTACAT
      430      440      450      460      470      480      490

770      780      790
human  CGGCAAAATGAGGAAACAAACGAAAGCTGAA
      ::::::::::::::::::: ::::::::::::::
murine  CGGCAAAAGTGAAGAAAGCCACGAAGGCTGAG
      500      510      520
```

Fig. 32C

Replacement Sheet 104 of 213

[illegible]

Fig. 33


```
540      550      560      570      580      590      600
I400 TACTATGCCCTTGCGGGCGGCAGGTTTCCGAGTCTCCCGGAAGTTTGCC--ATGTTTCATCACCTTGTTCC--
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 TACTACACTATGAAGGCTGCCAAA--CTGAAGCATCCCTAATCTTCTCCCCCATGGTTCATCACCCAG--CCTG
      560      570      580      590      600      610

610      620      630      640      650      660      670
I400 CAGATCACT-CAGATGCTGATGGGCTGTGTGGTTAACTACCTGGTCTTCTGCTGGATGCAGCATGACCAG
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 CAGAT-TCTGCAGATGGTTCTTGGGCACCATCTTTGGCATACTGAATTACATCTGGAGGCAGGAGAAAAGGA
      620      630      640      650      660      670      680

680      690      700      710      720      730      740
I400 TGTCACCTCTCACTTTCAGAAACA--TCTTCTGGTCCCTCACTCATGTACCTCAGCTACCTTGTCCTCTTCTG
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 TGCCACACA-ACAA-CGGAACACACTTCTTCTGGTCTTTTATGCTATATGGGACCTATTTTCATCCTTATTCGC
      690      700      710      720      730      740      750

750      760      770      780      790
I400 CCATTCTCTTCTTTGAGGCCCTACATCGG---CAAAATGAGGAAAACAAC-GAAAGCTGAA
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
CIG30 TCACCTTCTCCACCGAGCCTACCTCAGGCCCCAAGGCAAGTTGCATCCCAAGAGCC-AA
      760      770      780      790      800      810
```

Fig. 34C

	10	20	30	40	50	60	70
human	MNMSVLT	LQEYEF	EKQFN	ENEA	IQWMQ	ENWKK	SFLS
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
human	AVFSIF	GALRT	GAYMV	YILMT	KGLKQ	SVCDQ	GFYNG
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
human	HWYHHI	TVLLY	SWSYK	DMVAG	GGWFM	TMTNY	GVHVM
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
human	VVNYLV	FCWMQ	HD--	QCHSH	FQNI	FWSSL	MYLSY
murine	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
rat	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Fig. 35

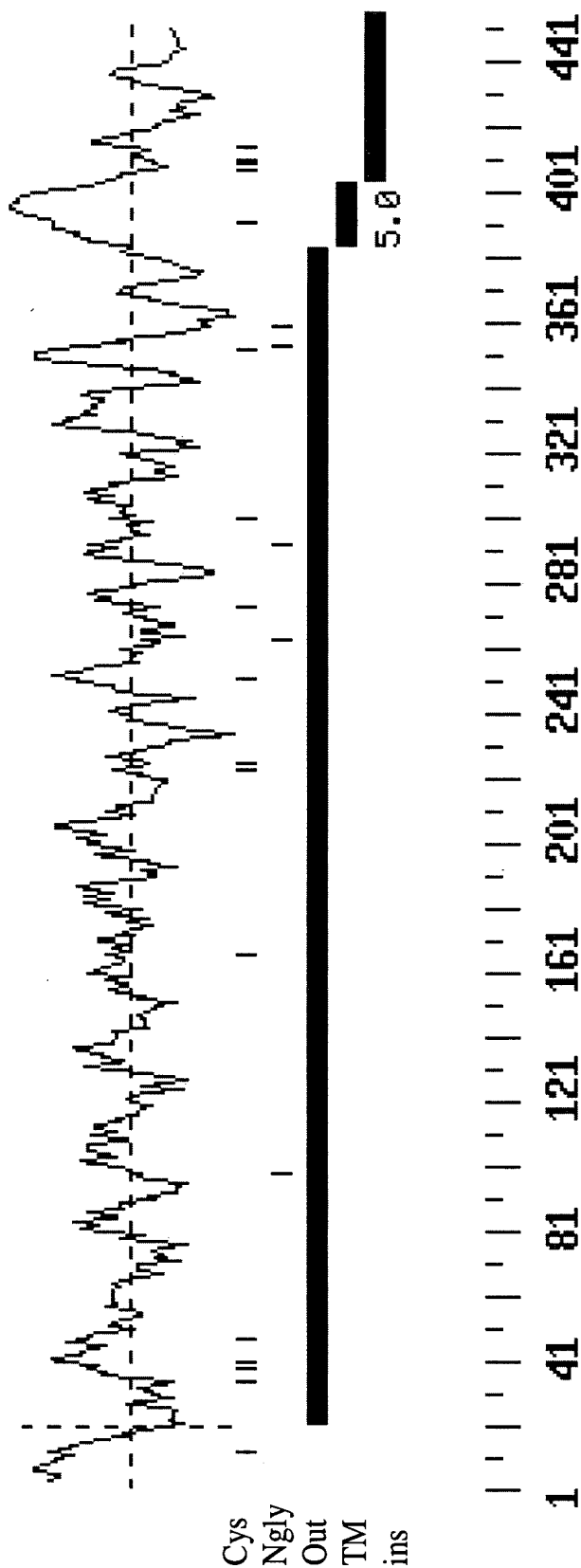


Fig. 36

Fig. 37A

```

270      280      290      300      310      320
H SRVFENCSSA-PALGLKRPEEHLVALVGRSL-----RLYCNTSV-PAMRIAWVSPQQELLRAPGSRDGS
. . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P DITASGCRDLCRVLQAKETLKL-SLAGNKLGDGARGLLCESLLQPGCQLESILWKSCSLTAACCCQHVSL
270      280      290      300      310      320      330

330      340      350      360      370      380      390
H AVLADGSLAIGNVQEQHAGLFVCLATGPRLLHNNQTHEYNVSVHFFRPEPEAFNTGFTLLGCAVGLVLVL
. . . . . : : : : : : : : : : . . . . . : : : : : . . . . .
P MLTQNKHL-----LELQLSSNKLGDGSGIQELCQALSQPGTTLRVLCCLGDCEVTNSGCSLAS--LLLANRS
340      350      360      370      380      390

400      410      420      430      440      450
H LYLFAPPCRCCRRACPLPPLAPNTQPAPRAEPHK-SSVLSTTPPDAPSPQGQASTS-----T
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P LRELDLSNNCVGDPGVLQLLGSLEQPGCALEQLVLYDTYWTVEEVEDRLQALEGSKPGLRVIS
400      410      420      430      440      450
```

Fig. 37B

Fig. 38

M 1 PFLFNHLHGLGLTRLRLTDLSSNWLKHISI 30
H 151 HAFHGLRALSHLYLGCNELASFSFDHLHGLSATHLTLTDLSSNRLGHISV 200
M 31 PELAALPTYLKNRLYLHNNPLPCDCSLYHLRRWHQRLSALHDFEREYT 80
H 201 PELAALPAFLKNGLYLHNNPLPCDCRLYHLQRWHQRLSAVRDFAREYV 250
M 81 CLVFKVSESRRVFFEHRSRVFKNCVAAAPGLELPEEQQLHAQVGQSLRLFC 130
H 251 CLAFKVPASRRVFFQHSRVFENCSSAPALGLKRPEEHLYALVGRSLRLYC 300
M 131 NTSVPATRVAVWSPKNELLVAPASQDGSIAVLADGSLAIGRVQEQHAGVF 180
H 301 NTSVPAMRIA WSPQQELLRAPGSRDGSIAVLADGSLAIGNVQEQHAGLF 350
M 181 VCLASGPRLHHNQTHEYNVSVQKARPEPETFTNTGFTLLGCIVGLVLVLL 230
H 351 VCLATGPRLHHNQTHEYNVSVHFFRPEPEAFNTGFTTLLGCAVGLVLVLL 400
M 231 YLFAPPCRGCCCHCCQACRNRCWPRASSPLQELSA.QSSMLSTTPPDAPS 279
H 401 YLFAPPCR...CCRRACPLPPLA PNTQAPAPRAEPHKSSVLSTTPPDAPS 446
M 280 RKASVHKHVVFLEPGKKGNGRVQLAVPPDSDL CNP MGLQL 320
H 447 PQQASTST..... 455

Fig. 39

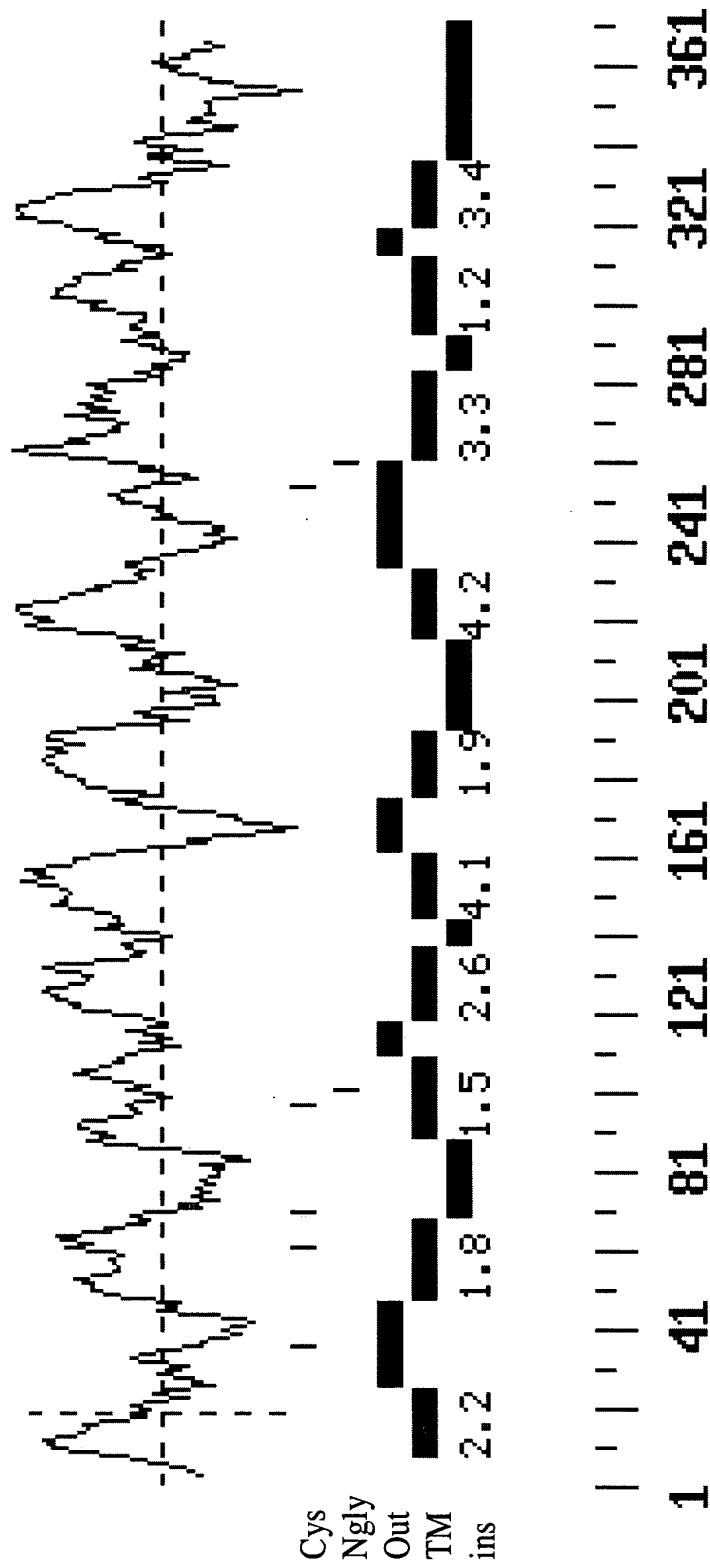


Fig. 40

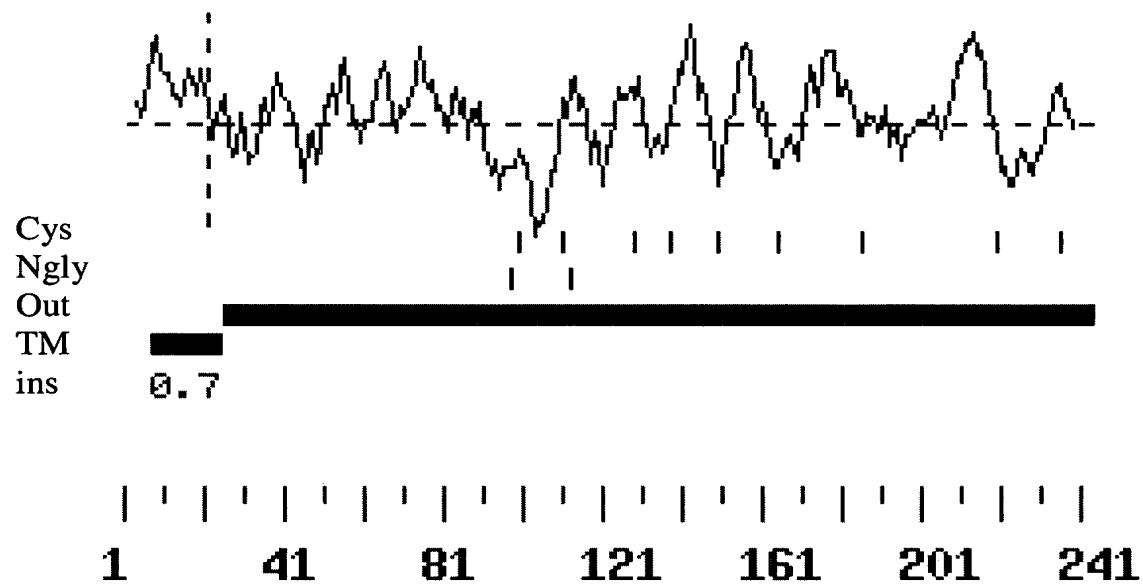


Fig. 41

Fig. 42A

```

360      370      380      390      400      410      420
M QAQKWARYTDPVSPRPGSCINNWHRDNGYTSSLELPDNTLNFIKKHPLMEDQVKPRLGRPLLVKKNTNF
  ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H ---WTR-----GCGPQ-----SPAL-----KH-----LLI-----TSL
160
430      440      450      460      470      480      490
M THVADRVPGLDGATYTVLFIGTGDGWLKAVSLGPWIHMVEELQVDFQEPVESLVLSQSKKVLFAGSRS
  .      .      .      .      .      .      .
H S-----VLRTCSPSLW-----SMESLKMGR-----SVPMT
180      190      200
500      510      520      530      540      550      560
M QLVQLSLADCTKYRFCVDCVLARDPYCAWNVNTSRCVATTSGRSGSFLVQHVANLDTSKMCNQYGIKKVR
  ::      ::      :      :      :      :      :
H QLRAM-LA-----F-----L-----WMVSCTRPHSTTS-----
210      220
570      580      590      600      610      620      630
M SIPKNITVVSQGTDLVLPCHLSSNLAAHAWTFGSQDLPAEQPGSFYDTGLQALVVMAAQSRHSGPYRCYS
  :
H -----W-----
640      650      660      670      680      690      700
M EEQGTRLAESYLVAVVAGSSVTLEARAPLENLGLVWLAVVALGAVCLVLLLVLSLRRRLREELEKGAK
  ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H -----ARNPLS-----CVT-----
230
```

Fig. 42B

710	720	730	740	750	760	770
M	ASERTLVYPLELPKEPASPPFRPGPETDEKLWDVPVGYYS	SDGSLKIVPGHARCQPGGGPPSPPPGIPGQP				
	:	:	:	:	:	:
H	-----W-----	-----GPTTP-----				
		240				
780	790	800	810	820	830	
M	LPSPTRLHGGGRNSNANGYVRLQLGGEDRGGSGHPLPELAD	ELRRKLQQRQLPDSNPEESSV				
H	-----					

Fig. 42C

```

10      20      30      40      50      60      70
M GGCACGAGGTGGCCGGAGTCAAACGCGAGGCGCAGCGCGGATTGGAGCTGCACGAAAGAGGGCTGCTG
: :      : : :      : : :      : : :      : : :      : : :      : : :
H GTC-----GACC-----CACG-----CGTC-----CGCG-----GGACAGCTG
10
80      90      100     110     120     130     140
M GACTGAAGTTTAGACCCCTGGGTGCTGCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAGGGCT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCCTGAAGCTCAGAGCCGGGCGTGCGCCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAAGGCT
30      40      50      60      70      80      90
150     160     170     180     190     200     210
M GTGGGGCCCTGGGCATCGGGGCTGAGATGTGGTGGAACCTTGTGCCCCGGAAGACAGTATCTTCTGGGGAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTGGGGCCCTGGGCATTTGGGGCTGAGGTGTGGTGGAACCTTGTGCCCCGCTAAGACAGTGTCTTCTGGGGAG
100     110     120     130     140     150     160
220     230     240     250     260     270     280
M CTGGTCACAGTAGTGAGGCGGTTCCTCCAGACAGGCATCCAGGACTTCCTGACACTGACCCCTGACAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CTGGCCACGGTAGTACGGCGGTTCCTCCAGACCGGCATCCAGGACTTCCTGACACTGACGCTGACGGAGC
170     180     190     200     210     220     230
290     300     310     320     330     340     350
M ATTCTGGCCCTTTTATATGTGGGGGCGCCGAGAGGCGCTGTTTGCCCTTCAGTGTAGAGGCTCTGGAGCTGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CCACTGGGCTTCTGTACGTGGGCGCCCGAGAGGCCCTGTTTGCCCTTCAGCATGGAGGCCCTTGAGAGCTGCA
240     250     260     270     280     290     300
```

Fig. 43A

Replacement Sheet 120 of 213

Fig. 43B

Fig. 43B

Applicant: Christopher C. Fraser, et al.

Title: ANTI-TANGO294 ANTIBODIES AND USES THEREOF (as amended)

Attorney/Agent: Mario Cloutier

Docket No.: MPI2000-535OMN1M

Replacement Sheet 121 of 213

```

710      720      730      740      750      760      770
M TCAAGACAGAGTACCTGGCTTTTGGCTGAATGAACCCCACTTTGTAGGCTCTGCCTTTGTCCCTGAGAG
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----AGAGCCCTGCCCTTAAGC-----ATCTCCTCATCAC---CTCTCTCTCTGTCC-TTAGA-
560      570      580      590      600

780      790      800      810      820      830      840
M TGTGGGAAGCTTCACGGGAGACGATGACAAAGATCTACTTCTTCTCAGTGAGCGGCGAGTGGAGTATGAC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----ACATGCTCACCTTCA-CTT-TG-GAGCA---TGGAGAGTTTGA-
610      620      630      640

850      860      870      880      890      900      910
M TGCTATTCCGAGCAGGTGGTGGCTCGTGTGGCGAGAGTCTGTAAAGGTGACATGGGGGGAGCACGGACGC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----AGATGG-----GAAGGGCAAGTGC-----C-----CTATGACCC
650      660      670

920      930      940      950      960      970      980
M TGCAGAAGAAATGGACGACGTTCCCTGAAGGCTCGGTTGGTGTGCTCAGCCCTGACTGGAAGGTCTACTT
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGCTAAGGGCCCATGCTGGCCCTTCTTGT-GGATGGTGAGCTGTACTCGGCCAC--ACT-----CAACAA
680      690      700      710      720      730

990      1000     1010     1020     1030     1040     1050
M CAACCAGCTGAAGGCGGTGCACACCCCTGCCGGGGCGCCCTCTTGGCACAAACACCACCTTCTTCGGGGTTT
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CTTCTCTG-----GGCA-----CGGAAC-CCA-TTATC-----CTGCG-----TAA
740      750      760
```

Fig. 43C

```

1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
M CAAGCGGATGGGGCGATATGGACCTGTCTGCAGTTTGTGAGTACCAGTTGGAACAGATCCAGCAAGTGT
::      :::::      ::      :      ::::      :      ::::
H CA-----TGGGGC-----CC--C-----ACCA-----C--TCCA-----
770      780

1130      1140      1150      1160      1170      1180      1190
M TTGAGGTCCTTACAAAGGAGTACAGTGAAGCCAGAACAGTGGCCCGCTATACTGACCCGGTACCCAG
::::      ::      :::::      :::::      ..:::      :.:::      ::      ::
H -TGAAG-----ACA--GAGTAC-----CTGGCC-----TTTGGCTCAACGAACCTCACTTTGTA---GG
790      800      810      820      830

1200      1210      1220      1230      1240      1250      1260
M CCTTCGGCCTGGTTTCGTGTATCAACAACCTGGCACCGAGACAATGGCTACACCAGTTCCCTGGAACGTCCG
:  ::      :::::      :::::      :::::      :::::      ::      :::::
H C--TCTGCCCTA-----TGTA-C-----CTGA-----GAGT-GTGGGCAGCTTCA----CGGGGGACGAC--
840      850      860      870      880

1270      1280      1290      1300      1310      1320      1330
M GACAACACCTCAACTTCATCAAGAAGCACCCCTGTATGGAGGACCAAGTGAAGCCTCGGTTGGCCCGCC
:::::      :  :::::      :::::      :::::      :::::      :  :::::
H GACAAGGTCCTACTTCTTCTCAGGGAGC-----GGGC--AGTGGAGTC-CGA-----
890      900      910      920

1340      1350      1360      1370      1380      1390      1400
M CCTACTTGTGAAGAAGAACACTAACTTCACACACGCTGGTGGCCGACAGGGTCCCAGGGCTTGATGGTGC
:::::      ::      ::      ::      :::::      ::      ::      ::
H --CTGCTA-----TGC--CGAGCAGGTGGTGGC-----TC-----GTGTGGC
930      940      950
```

Fig. 43D

```

1410      1420      1430      1440      1450      1460      1470
M CACCTATACAGTGTGTTTCATTGGTACAGGAGATGGCTGGCTGCTGAAGGCTGTGAGCCTGGGGCCCTGG
: : . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H C--CGTGTCTG-----CAAGGG--C--GATATGGGGGGC-----GCA-----C--GGACCCCTG--
960      970      980      990

1480      1490      1500      1510      1520      1530      1540
M ATCCACATGGTGGAGGAACCTGCAGGTGTTTGACCAGGAGCCAGTGGAAGTCTGGTGTCTCAGAGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----CA-----GAGGAA-----GTG-----GACCACGTTCCCTG-----AAGGC-----GCGG-----CTG--GCA
1000      1010      1020      1030

1550      1560      1570      1580      1590      1600      1610
M AGAAGGTGCTCTTTGCTGGCTCCCGCTCTCAGCTGTTTCAGCTGTCTCTGGCCGACTGCACAAAGTACCCG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----TGCTCT-----GC-CCCGAACT-GGCAG-CTCTACT-TCA---ACCAGCTGCA---GG---CG
1040      1050      1060      1070      1080

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
M TTTCTGTAGACTGTGTCCTGGCCAGGACCCCTTACTGTGCTGGAATGTCAACACCAGCCGCTGTGTG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATGC-----ACA---CCCTG--CAGGACACCT-----CCTGGCA---CAACACCACCTTCTTTTGGG
1090      1100      1110      1120      1130

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
M GCCACCACAGTGGTCGCTCGGGGTCCTTTCTGTGTCCAAACATGTGGCGAACTTGGACACTTCAAAGATGT
: : . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTTT--TTCAA-----GCACAGTGG-----GGT--GACATGTACCTGTC---GGC-CATCTG---TGA
1140      1150      1160      1170
```

Fig. 43E

```

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
M  GTAACCAAGTATGGCATTAATAAAGTCAGATCTATTCCCAAGAACAATCACCCTTGTTGTCAGGCACAGACCT
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GTA-CCAGT-TGG-----AAG--AGATC-----CAGCG--GGTGTGAGG-----
1180      1190      1200      1210
M  GGTCCTACCTGCCACCTCTCGTCCCAATTGGCCCATGCCCACTGGACCTTCGGAAGCCAGGACCTGCCT
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  -----GCC-----CCTATAAGGA--GTACC---ATGA-----GGAAGC-----CCA
1220      1230      1240
1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
M  GCAGAACAAACCTGGCTCCCTTTCTTTATGACACGGGACTCCAGGCGCTGGTGGTGATGGCCGCACAGTCCC
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GAAGTGGGACC--GCTAC--ACT---GACCCCTGTAC--CCAGGCCCTGGTTGTGATGGCTGCCCCAGCCCC
1250      1260      1270      1280      1290      1300
1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
M  GTCACCTGGACCCCTATCGTTGCTATTTCAGAGGAGCAGGGGACAAAGACTGGCTGCAGAAAGCTACCTTGT
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GCCATGCCGGGCGCTACCACTGCTTTTCAGAGGAGCAGGGGCGCGGCTGGCTGCTGAAGGCTACCTTGT
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370
2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
M  TGCTGTGCGGCCGGCTCGTCGGTGACACTGGAGGCACGGGCTCCCTTGGAAAAACCTGGGGCTCGTGTGG
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GGCTGTGCGTGCCAGGCCGCTCGGTGACCTTGGAGGCCCGGGCCCCCTGGAAAAACCTGGGGCTGGTGTGG
1380      1390      1400      1410      1420      1430      1440
```

Fig. 43F


```

2800      2810      2820      2830      2840      2850      2860
M ACTTCAGCCCTCACAGGAGACA-CACCCCTCCTCT--GTGAATTGAGACATGTGGGACCCAGCAGCCAAA
  .. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCACCAGCCCTCGCAGAAAGGCATCTTCCTCCTCTCTGTGAATCACAGACACGCGGACCCAGCCGCCAAA
2140      2150      2160      2170      2180      2190      2200

2870      2880      2890      2900      2910      2920
M ACTTTCAGGAAGAGGTTTCAAGATGTGGCGGTGTTGTGCAT--ATATGTGTTGGTATGCATGTGGAA
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ACTTTTCAAGGCAGAAAGTTTCAAGATGTGTGTTGTCTGTATTTGCACATGTGTTGTGTGTGTGTAT
2210      2220      2230      2240      2250      2260      2270

2930      2940      2950      2960      2970      2980      2990
M GAATGTGTGTGTGTGTGTG---TGTTGTGTAACCTTCCCTGTCTCTATCACGTCTTCCCTTGGCCTGG
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTGTGTGTGCACGCGCGTGTGGCGCTTGTGGCATAAGCCTTCCCTGTTCTGTCAAGTCTTCCCTTGGCCTGG
2280      2290      2300      2310      2320      2330      2340

3000      3010      3020      3030      3040      3050      3060
M GGTCCTCCTGGTTGAGTCTTTGGAGCTATGAAGGGGAAGGGGTCAATAGCACTTTGCTTCTCTACCCCC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H G-TCCCTCCTGGT-GAGTCATTGGAGCTATGAAGGGGAAGGGG-TCGTATCACTTTGTCTCTCTACCCCC
2350      2360      2370      2380      2390      2400      2410

3070      3080      3090      3100      3110      3120      3130
M AGCTGTCCCAAGCTTTGGGGCAGTGATGTACATACGGGGAAGGAAGGACAGGGTGTGTACCCCTTTTG
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H A-CTGCCCCCGAG-TGTCGGGCAGCGATGTACATATGGAGGTGGGGTGGACAGGGTGTGTGCCCCCTTCAG
2420      2430      2440      2450      2460      2470      2480
```

Fig. 43I

```

3140      3150      3160      3170      3180      3190      3200
M GGGAGTGGGGACTCGGGGTGGGCCCTAGCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGCGGGGGTT
. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGGAGTGCAGGGCT-TGGGGTGGGCCCTAGTCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGGTGGGGGA
2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550

3210      3220      3230      3240      3250      3260      3270
M GGGGTGGAGATGGAACCTCCTGC---TTCAGGGGAGGGGTGGCAGGGCCTCCCACTTGCCCTCCGGG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GGG-----AGATGGAGCCTCCTGTGTGTTTGGGGGGAAGGGTGGGTGGGCTCCCACTTGCCCTCCGGG
2560      2570      2580      2590      2600      2610

3280      3290      3300      3310      3320      3330
M TTCGGTGGTATTTTATATTTCGGCTCTTC-TG-ACAGGGCTGGGAAGGG--TTGTTGGGGAGGGAAGGG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H TTCAGTGGTATTTTATACTTGCCTTCTTCCTGTACAGGGCTGGGAAGGCTGTGTGAGGGGAGAGAAGGG
2620      2630      2640      2650      2660      2670      2680

3340      3350      3360      3370      3380      3390      3400
M AGGAGGTGGGCATGCTATGGATACTGGCCCTATCCTCTCCCTGCTCTGGGAAAAGGGCT---AACAGTGTA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGAGGGTGGGCCCTGCTGTGGACAAATGGCAATCTCTCTCCAGCCCTAGGAGGGCTCCTAACAGTGTA
2690      2700      2710      2720      2730      2740      2750

3410      3420      3430      3440      3450      3460      3470
M ACTTATTGTGTCCCCACATATTTATTGTTGTAAATAATTGAGTATTTTATATATGACAAATAAAATGGA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ACTTATTGTGTCCCCCGGTATTTATTGTTGTAAATAATTGAG-ATTTTATATATGA-----
2760      2770      2780      2790      2800      2810
```

Fig. 43J

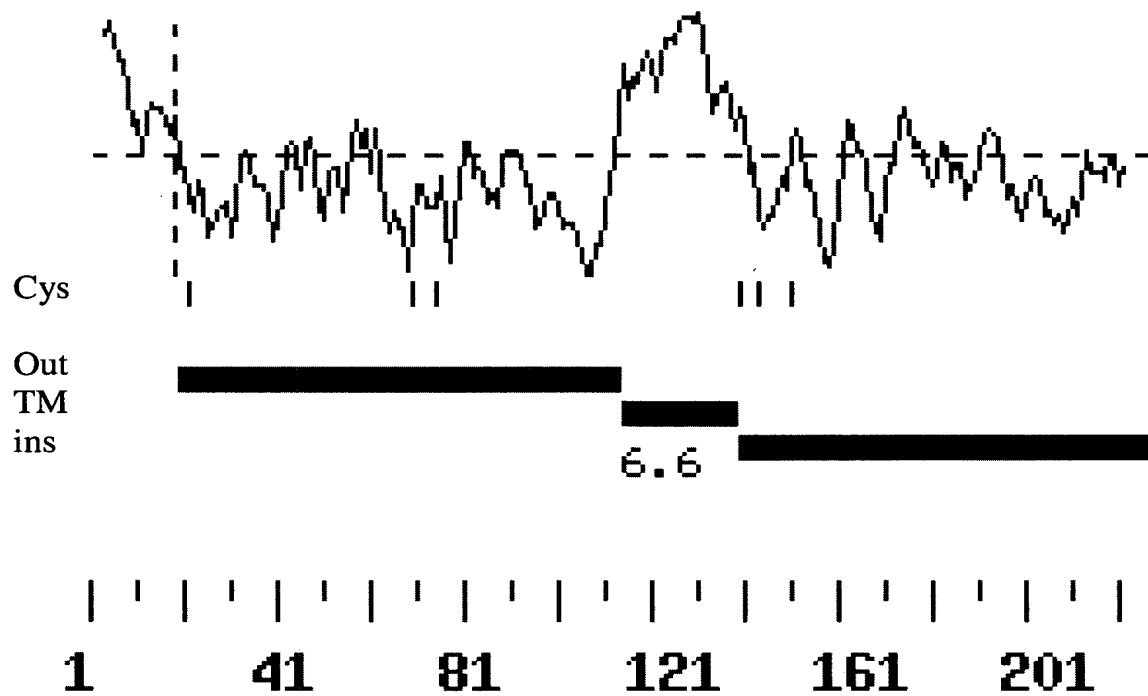


Fig. 44

```
G 1 ATGTTTCTGCTTCTGGTGGTACTCAGCCAGCTGCCCAGACTTACCCCTCGC 50
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 1 ATGTTTACGCTTCTGGTTCCTACTCAGCCAACTGCCCAACAGTTACCCCTGGG 50

G 51 GGTTCCTCAT...ACAAGAAGCCTAAAGAATTCTGAACATGCCCCAGAAAG 97
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 51 GTTTCCTCATTCGCAAGAGAGTCCAAGGCTTCTAAGCATGCGGGAGAAAG 100

G 98 GAGTCTTTGCATCAAAAAAAGCAGCAAGCATCTTTATGCACCGTCGCCTC 147
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 101 AAGTGTTTACATCAAAAAGAAGCAAACTTTTTCATACATAGACGCCCTT 150

G 148 CTATACAATAGATTTGATTTAGAACTCTTCACCTCCCGGGAACCTGGAGAG 197
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 151 CTGTATAATAGATTTGATCTGGAGCTCTTCACCTCCCGGCAACCTAGAAAG 200

G 198 AGAGTGCTATGAGGAGTTCTGTAGTTATGAAGAAAGCCAGAGATCCCTCG 247
   ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 201 AGAGTGCAATGAAGAACTTTGCAATTATGAGGAAGCCAGAGAGATTTTGTG 250
```

Fig. 45A

```
G      248 GGGACAACGAAGAAATGATCACATTCTGGCGGGAATATTCAGTCAAAGGA 297
      ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      251 TGGATGAAGATAAAACGATTGCATTTTGGCAGGAATATTCAGCTAAAGGA 300

G      298 CCAACCACAGATCAGATGTCAACAAAGAGAAAAATTGATGTATGGGCCT 347
      ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      301 CCAACCACAAAAATCAGATGGCAACAGAGAGAAAAATAGATGTATGGGCCT 350

G      348 TCTGACTGGCTTAATTGCGGCTGGAGTATCTTGGTTGTTTGGCTTAC 397
      ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      351 TCTGACTGGATTAATTGCTGCTGGAGTATTTTGGTTATTTTGGATTAC 400

G      398 TTGGTTACTATCTGTGTATCACCAAGTGTAATAGGCAGCCCATATCAAGGT 447
      ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      401 TTGGCTACTATCTTTGTATCACTAAGTGTAATAGGCTACAACATCCATGC 450

G      448 TCCTCAGCTGTCTACACAAGAAGGACCAGGCACACACCCGTCATCATTTT 497
      ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      451 TCCTCAGCCGTCTATGAAGGGGG...AGGCACACTCCCTCCATCATTTT 497
```

Fig. 45B


```
G 1 MFLLLVLSQLPRLTLAVPH.TRSLKNSEHAPEGVFASKKAASIFMHRRL 49
  |||||.|||||.||| ||| |||.||| ||| |||.|||.|||.|||
H 1 MFTLLVLSQLPTVTLGFPHCARGPKASKHAGEEVFTSKEEANFFIHRRL 50

G 50 LYNRFDLLELFTPGNLERECYEEFCSEYEEAREILGDNEEMITFWREYSVKG 99
  |||||.|||||.|||||.|||||.|||||.|||||.|||||.|||||.
H 51 LYNRFDLLELFTPGNLERECNEELCNYEEAREIFVDEDKTIAFWQEYSAGK 100

G 100 PTTRSDVNKEKIDVMGLLTGLIAAGVFLVVFGLLGYLCLTKCNRPYQG 149
  |||:||| |:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
H 101 PTTKSDGNREKIDVMGLLTGLIAAGVFLVIFGLLGYLCLTKCNRLQHPC 150

G 150 SSAVYTRRTRHTPSIIFRTHHEEAVLSP.SSSSEDAGLPSYEQAVALTRKH 198
  ||||| | ||||| ||| ||||| | ||||| ||||| ||||| |||||
H 151 SSAVY.ERGRHTPSIIFRRPEEAALSPPPSVEDAGLPSYEQAVALTRKH 199

G 199 SVSPPPPPYPGPAKGFRVFKKMSMLPSH 225
  ||||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 200 SVSPPPPPYPGHTKGFRVFKKMSMLPSH 226
```

Fig. 46

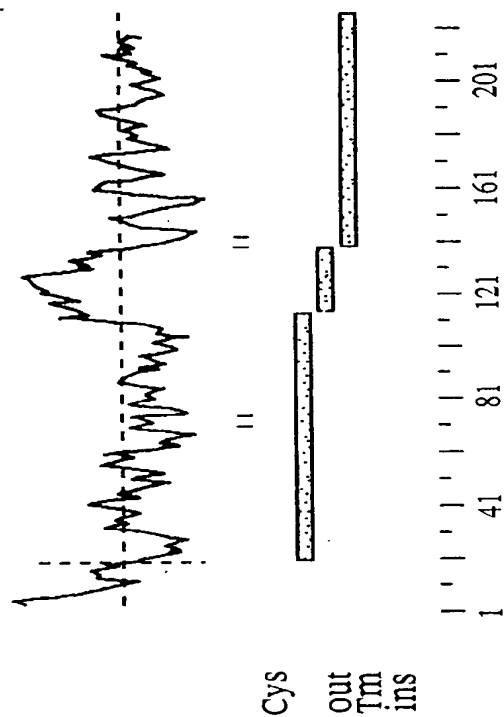


Fig. 47

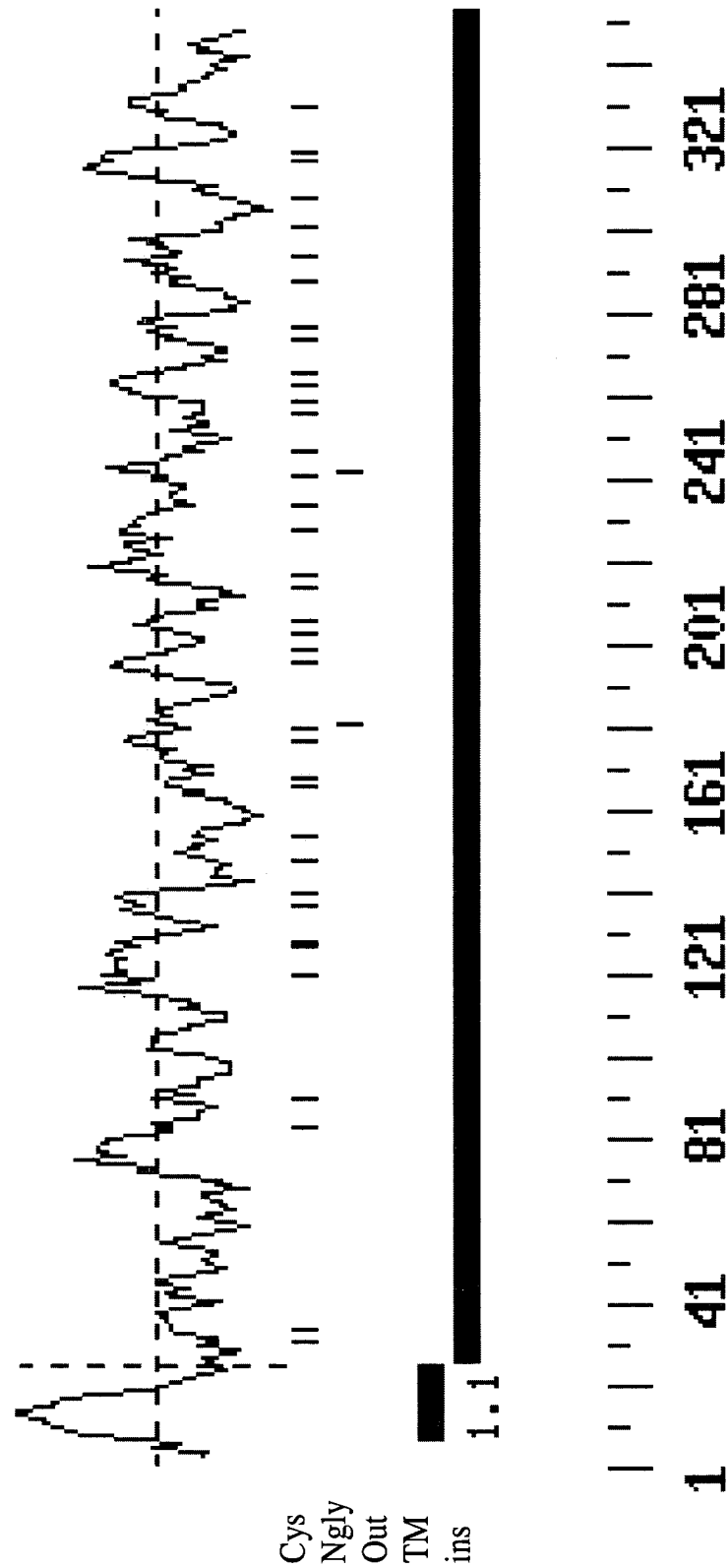


Fig. 48


```

      10      20      30      40      50
C  --GTAGCCGGG--GGAACGGC-CGGC-----GCGCTTG-----CCGGTGGCGGAGCGGAGACT-CCACA
      : . : : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  ACGCGTCCGCACANGCCGCGCGGCTGGGAGCGGGTGGCGCGCCGGAGCGCCGGAGCAGCAGCAGCGCCGCA
      10      20      30      40      50      60      70

      60      70      80      90      100      110
C  G---CAGTT-CTC-TGCCG-GTCG-CCCGCGAGTGC-ACCGGCCATGCACCTGCCGC-CCGCTGCCGCAG
      : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GGACCTGGAGCTCCGGCTGCGTCTTCCCGC-AGCGCTACCCGCCCATGCGCCTGCCGCGCGC-GGCCGCGC
      80      90      100      110      120      130

      120      130      140      150      160      170      180
C  TCGGGCT--GCTACTGCTGCTGCCGCCCTCCCGCGCGCGTGGCCCTCCCGGAAGCCGACAATGTGCCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  TGGGGCTCCTGCCGCTTCTGCTGCTGCTGCCGCCCGCGCGGAGGCCGCCAAGAAGCCGACGCCCTGCCA
      140      150      160      170      180      190      200

      190      200      210      220      230      240      250
C  GAGGTGCCGGCGCTGGTGACAAAGTTCAACCAGGGGATGGCCAAACACGGCCAGGAAGAAATTCGGCGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  CCGGTGCCGGGGCTGGTGACAAAGTTTAACCAGGGGATGGTGGACACCGCAAGAAAGAACTTTGGCGGC
      210      220      230      240      250      260      270
```

Fig. 50A

```

260      270      280      290      300      310      320
C  GGCAACACGGCGTGGAGGAGAGAGTCTGTCTCAAGTACGAATTCAGTGAGATTTCGGCTCCTGGAGATTA
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GGGAACACGGCTTGGGAGGAGGAAAGACGCTGTCTCAAGTACGAGTCCAGCGAGATTTCGCCCTGCTGGAGATCC
280      290      300      310      320      330      340

330      340      350      360      370      380      390
C  TGGAGGGCCTGTGTGACAGCAACGACTTTGAAATGCAACCAACT-CTTGGAACAGCATGAGGAGCAGCTAG
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  TGGAGGGGCTGTGCGAGAGCAGCGACTTCGAAATGCAATCAGATGCTAGAGGC-GCAGGAGGAGCACCTGG
350      360      370      380      390      400      410

400      410      420      430      440      450      460
C  AGGCCCTGGTGGCAGACACTGAAGAAGGAGTGCCCTAACCTATTGTGAGTGGTTCTGTGTACACACTGAA
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  AGGCCCTGGTGGCTGCAGCTGAAGAGCGGAATATCCTGACTTATTCGAGTGGTTTGTGTGAAGACACTGAA
420      430      440      450      460      470      480

470      480      490      500      510      520      530
C  AGCATGCTGTCTTCCAGGCACCTATGGGCCAGACTGTCCAGGAATGCCAGGGTGGGTCTCAGAGGCCCTTGT
   :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  AGTGTGCTGCTCTCCAGGAAACCTACGGTCCCGACTGTCTCGCATGCCAGGGCGGATCCCAGAGGGCCCTGC
490      500      510      520      530      540      550
```

Fig. 50B

Fig. 50C


```

1100      1110      1120      1130      1140      1150
C AAGCGAAGTGGCAGAGGAAAGT--CCC-ACACAGCCACCCTCCCATGAGGATTTGTGACGGGCATCCAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGGCTGAAGCCACAGAAAGGAGAAAGCCCGACACAGCTGCCCTCCCGGAAGA-----CCTG
1120      1130      1140      1150      1160      1170
1160      1170      1180      1190      1200      1210      1220      1230
C GTTCAGAAAGCTGGACTCTCACCCCTTTTAAGTTATTGAGAGGACATCCTATAGAAAAATGTGGCCCCATGGAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H --TAATGTGCCCCGACTT--ACCCCTTTAAATTATTCAGAAGGATGTCCCCGTGGAATAATGTGGCCCCTGAGGA
1180      1190      1200      1210      1220      1230

1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290
C ATCAACCCCATTTCTCCAGGAAGTTTGG-AGGAAGAAAGCTGCCCTGCTTTGAACAGTAGATACTCACTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H TGCCGCTCTC---CTGCAGTGGACAGCGGGGGAGAGGCTGCCCTGCTCTCTAACGGTTGATTCTCATTT
1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300
1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360
C GGCCCTTTAAACGCTGCATTTCTTGGTGGTTCTTAAACAGATTCGTATATTTTGATACGTGTTCTTTATA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTCCCTTAAACA-GCTGCATTTCTTGGTTGTCTTAAACAGACTGTGTATATTTTGATACAGTCTTTGTA
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370

1370      1380      1390
C ATAAAAATTGATCATTTGAAGGTCACCGAGAA-----CA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATAAAAATTGACCATTGTAGGTAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGGCCGCTAGAC
1380      1390      1400      1410      1420      1430
```

Fig. 50E

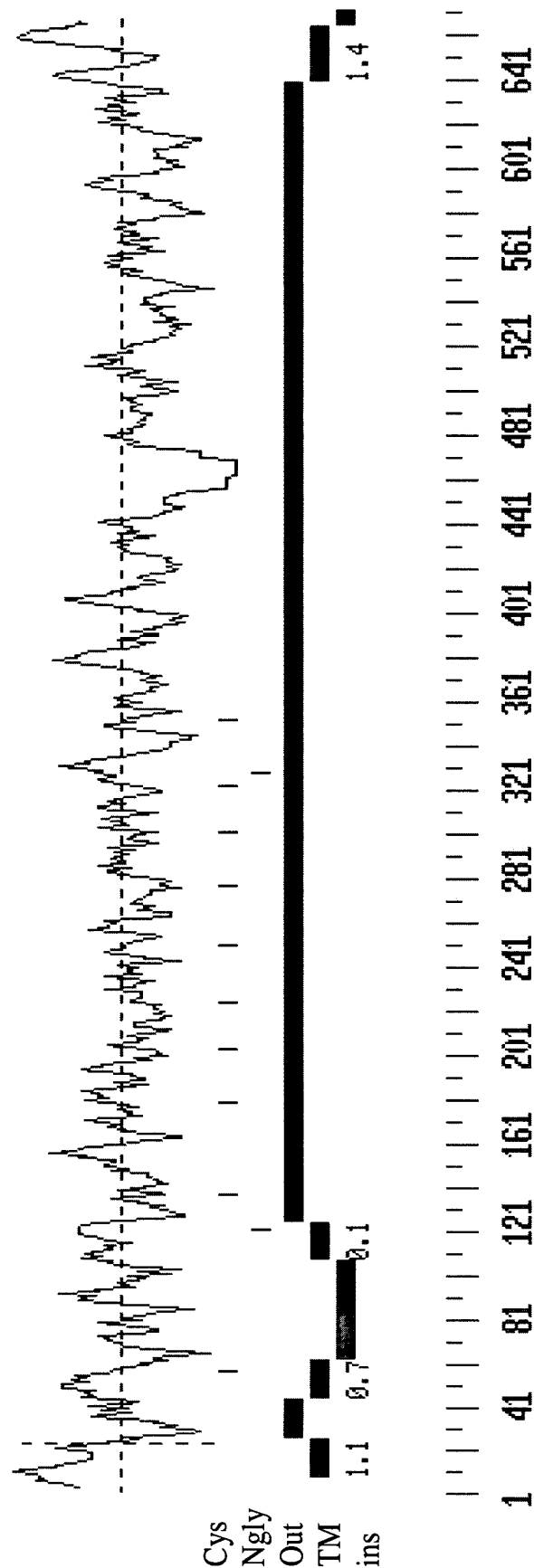


Fig. 51


```

360      370      380      390      400      410
332 YCFRDSAQP-SAIPEASNPNASDGLAIVTVTETLEELQLPQEATESESRGAIYSIPIMEDGGGGSS
      :::::  ...  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF YCFRDSAQLLPSLRPPTQPTQL--DGLEAIVTVTETLEELQLPQEATESESRGAIYSIPIMEDGGGGSS
300      310      320      330      340      350

420      430      440      450      460      470      480
332 TPEDPAEAPRTLLEFETQSMVPTGFSEEGKALEEEEEKYDEDEEEKEEEEEVEDEALWAWPSELSSP
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF TPEDPAEAPRTLLEFETQSMVPTGFSEEGKALEEEEEKYDEDEEEKEEEEEVEDEALWAWPSELSSP
360      370      380      390      400      410      420

490      500      510      520      530      540      550
332 GPEASLPTEPAAQEKSLSQAPARAVLQPGASPLPDGESEASRPPRVHGPPTETLTPPRNLA SPSSTL
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF GPEASLPTEPAAQEEESLSQAPARAVLQPGASPLPDGESEASRPPRVHGPPTETLTPPRNLA SPSSTL
430      440      450      460      470      480      490

560      570      580      590      600      610      620
332 VEAREVGEATGGPELSGVPRGESEETGSSEGAPSLLPATRAPEGTRELEAPSEDN SGR TAPAGTSVQAQP
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF VEAREVGEATGGPELSGVPRG-----GAR-----TQ-
500      510      520

630      640      650      660      670
332 VLPTDSASRGGVAVVPASGNSAQGSTALSILLFFPLQLWVT
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF -----FAL-----
```

Fig. 52B

Fig. 53A

Applicant: Christopher C. Fraser, et al.
Title: ANTI-TANGO294 ANTIBODIES AND USES THEREOF (as amended)
Attorney/Agent: Mario Cloutier
Docket No.: MPI2000-535OMN1M
Replacement Sheet 146 of 213

```

350      360      370      380      390      400      410
M YCFRDSAHPASSEASSPAS---DGLEAIVTVTEKLEELQLPQEAMESESRGAIYSIPISEDGGGSST
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H YCFRDSAQPSAIPASNPASDPASDGLAIVTVTETLEELQLPQEATESESRGAIYSIPIMEDGGGSST
      360      370      380      390      400      410      420
      420      430      440      450      460      470
M PEDPAEAPRTPLESETQSIAPPTESSSEEGVALEEEERFKDLALEEEEKEQED----LWWPRELSSP-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H PEDPAEAPRTLLEFETQSMVPPPTGFSEEEGKALEEEKYDEEEEEEEVEDEALWAWPSELSSPG
      430      440      450      460      470      480      490
      480      490      500      510      520      530
M ---LPTGSET-EHSLSQVSPPAQAVQLQLDASPPG-----PPFRGPPAETLLPPREWS-ATSTPGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H PEASLPTPEAAQEKSLSQ--APARAVLQPGASPLPDGESEASRPVRVHGPPPTETLPTPRERNLASPSPT
      500      510      520      530      540      550      600
      540      550      560      570      580      590      600
M --AREVGGETGPPELSGVPR-ESEEAGSSSLEDGPSLLPATWAPVGPRELTPSEEKSGRTVLAGTSVQ
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H LVEAREVGEATGGPELSGVPRGESEETGSS--EGAPSLLPATRAPEGTRELEAPSEDNSGRTAPAGTSVQ
      560      570      580      590      600      610      620
      610      620      630      640      650      660      670
M AQPVLPTDSASHGGVAVAPSSGDCIPSPCHNGGTCLLEEKGFRCLCLPGYGDDLCDVGLHFCSPGWEAFQ
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AQPVLPTDSASRGGVAVVPASGNSAQ-----GSTAL-----
      630      640      650

```

Fig. 53B

```

680      690      700      710      720      730      740
M GACYKHFSTRRSWEAEESQCRALGAHLTSICTPEEQDFVNDRYREYQWIGLNDRTIEGDFLWSDGAPLLY
H -----SI-----L-----LLF
      660

750      760      770      780      790      800      810
M ENWNPGQPD SYFLSGENCVMVWHDQGWSDVPCNYHLSYTCCKMGLVSCGPPQPLAQIFGRPRLRYAV
      :
H -----F-----PLQ-----
      :

820      830      840      850      860      870      880
M DTVLRYRCRDGLAQRNLPLIRCQENGLWEAPQISCVPRRPGRALRSMDAPEGPRGQLSRHRKAPLTTPSS
      :
H -----LWVT-----
      670
```

M L
H -

Fig. 53C

```

10      20      30      40      50
H  GTCG-ACCCA-CG-----CGTCC-----GTCCTGGCGGCCCCAGCCTCTCCTCAGCTCGCGCAGTC
:  :  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GAGGCTCCCGCGGAGCTGGCGCCCCCTGTCTGGGTCCCGCGCGCCCGGCC-CTGCTCGCGCCCCGCGCA-TC
10      20      30      40      50      60

60      70      80      90      100     110     120
H  TCCGCCGCGAGTCTCAG-CTGCAGCTGCAGGACTGAGCCGTGCACCCGGAGGAGACCCCGGAGGAGCGGA
:  :  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GC-GCCGCGAGTCTCGGTCTGCGGGCTGCGGGACGTGACGGCGTGC GCGGAGGGGACCTC-----GCAA
70      80      90      100     110     120

130     140     150     160     170     180     190
H  CAAACTTCGCAGTGCCGCGACCCCAACCCAGCCCTGGGTAGCCTGCAGCATGGCCCCAGCTGTTCTGCCCC
:  :  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  -GTTCTTC-----CATC-----AGTG---TGCAGAATGATACCACCTGCTTCTGTCC
130     140     150     160     170

200     210     220     230     240     250     260
H  CTGCTGGCAGCCCTGGTCCCTGGCCAGGCTCCTGCAGCTTTAGCAGATGTTCTGGAAGGAGACAGCTCAG
:  :  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  CTGCTGGCCGCTCTGGTCCCTGACCCCAAGCCCCCTGCCGCCCTCGCTGATGACCTGAAAGAACAGACAGCTCGG
180     190     200     210     220     230     240

270     280     290     300     310     320     330
H  AGGACCGCGCTTTTCGCGTGCGCATCGCGGGCGACGCGCCACTGCAGGGCGGTGCTCGGGCGGCCCTCAC
:  :  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  AGGATCGAGCCCTTCCGCGTGCGCATCG-GTGC--CGCGCAGCTGCGGGGCGGTGCTGGGCGGTGCCCTGGC
250     260     270     280     290     300
```

Fig. 54A

```

340      350      360      370      380      390      400
H CATCCCTTGCCACGTCCACTACCTGCGGCCACCGCCGAGCCGCGGCTGTCTGGGCTCTCCGCGGGTC
   :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: ::::::::::::::::::::
M CATCCCATGCCACGTCCACACCTGCGGCCCGCGCGCAGCCGCGGCGCGCGGGTTTCCCGCGGGTC
310      320      330      340      350      360      370

410      420      430      440      450      460      470
H AAGTGGACTTTCCTGTCCCGGGGCGGAGGCAGAGTGCTGGTGGCGGGGAGTGCGCGTCAAGGTGA
   :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: ::::::::::::::::::::
M AAGTGGACCTTCCTGTCCCGGGGACCGGAGGTAGAGGTTCTGGTGGCTCGCGGGCTGCGCGGTCAAGGTAA
380      390      400      410      420      430      440

480      490      500      510      520      530      540
H ACGAGGCCTACCGGTTCCCGCGTGGCACTGCCTGCGTACCCAGCGTCGCTCACCAGCTCTCCCTGGCGCT
   :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: ::::::::::::::::::::
M ACGAAGCCTACCGGTTCCCGCGTGGCGCTGCCTGCCCTACCCCGCATCGCTCACGGATGTGTCTCTAGTATT
450      460      470      480      490      500      510

550      560      570      580      590      600      610
H GAGCGAGCTGCGGCCCCAACGACTCAGGTATCTATCGCTGTGAGGTCCAGCACGGCATCGATGACAGCAGC
   :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: ::::::::::::::::::::
M GAGCGAACTGCGGGCCCAATGATTCCGGGGTCTATCGCTGCGAGGTCCAGCACGGTATCGACGACAGCAGT
520      530      540      550      560      570      580

620      630      640      650      660      670      680
H GACGCTGTGGAGGTCAAGGTCAAAGGGTCTGCTCTTCTCTACCGAGAGGGCTCTGCCCGCTATGCTTTCT
   :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::: ::::::::::::::::::::
M GATGCTGTGGAGGTCAAGGTCAAAGGGTCTGCTCTTCTCTACAGAGAGGGCTCTGCGCGCTATGCTTTCT
590      600      610      620      630      640      650
```

Fig. 54B

```

690      700      710      720      730      740      750
H CCTTTTCTGGGGCCAGGAGGCCCTGTGCCCCGCAATTGGAGCCCCACATCGCCACCCCGGAGCAGCTCTATGC
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CCTTCGCTGGAGCCCCAGGAAGCCTTGCCTCGCATAGGAGCCCGAATCGCCACCCCGGAGCAGCTCTATGC
660      670      680      690      700      710      720

760      770      780      790      800      810      820
H CGCCTACCTTGGGGCTATGAGCAATGTGATGCTGGCTGGCTGTCGGATCAGACCGTGAGGTATCCCATC
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TGCCTACCTCGGGCGCTATGAGCAGTGTGATGCAGGCTGGCTGTCCGACCAAACTGTGAGGTACCCCATC
730      740      750      760      770      780      790

830      840      850      860      870      880      890
H CAGACCCACGAGAGGCCCTGTTACGGAGACATGGATGGCTTCCCCGGGTCCGGAACCTATGGTGTGGTGG
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CAGAACCCACGAGAGGCCCTGCTCTGGAGACATGGATGGCTATCCTGGCGTGCAGAACTACGGAGTGGTGG
800      810      820      830      840      850      860

900      910      920      930      940      950      960
H ACCCGGATGACCTCTATGATGTGTACTGTTATGCTGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCCCTGGGTGACCC
   . :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M GTCCTGATGATCTCTATGATGTCTACTGTTATGCCGAAGACCTAAATGGAGAACTGTTCCCTAGCGCCCCC
870      880      890      900      910      920      930

970      980      990      1000      1010      1020      1030
H TCCAGAGAAGCTGACATTGGAGGAAGCACGGGCGTACTGCCAGGAGCGGGGTGCAGAGATTGCCACCACG
   :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TCCCAGCAAGCTGACATGGGAGGAGGCTCGGGACTACTGTCTGGAACGTTGGTGCACAGATCGCTAGCACACA
940      950      960      970      980      990      1000
```

Fig. 54C

Fig. 54D

Replacement Sheet 152 of 213

Fig. 54E


```

2080      2090      2100      2110      2120      2130
H  GACAGCGCCAGCCGAGGTGGAGTGGCCGTGGTCCCGCATCAGGTAATT-----CTGCCCCAAGGCTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  GACAGTGCCAGCCAGCGGTGGAGTGGCTGTGGCTCCCTCATCAGGTGACTGTATCCCCAGGCCCTGCCCACA
1980      1990      2000      2010      2020      2030      2040
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  A-----C-TGC-----CCTCT--CTAT-----CCTA-CT-----CCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  ATGGTGGGACATGCTTGAGGAGAGAGGGTTTCCGCTGCCTATGTTTGCCAGGCTATGGGGGGGACCT
2050      2060      2070      2080      2090      2100      2110
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
2160      2170      2180      2190      2200
H  TTTC-----TTCCC--C-----CTGCAGCTCTGG-----GTC--ACCTGA--CCTG----TAGTCCTTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  GTGCGATGTTGGCCTTCATTTCTGCAGCCCTGGCTGGAGGCCCTTCCAGGGAGCCTGCTACAGCACTTT
2120      2130      2140      2150      2160      2170      2180
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  AACCCAC-----CA-----TCA-TCCCAAACCTCT-----C-----CTGTCC-----TTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  TCCACACGAAGGAGTTGGGAGGAGGCAGAAAGTCAGTGCCGAGCGCTAGGTGCTCATCTGACCAGCATCT
2190      2200      2210      2220      2230      2240      2250
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GC-----CT-----TCATTCTCT-TACCC---ACC---TCTACCTATGGGT---CTC-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  GCACCCCTGAGGAGCAAGACTTTGTCAATGATCGATACCGGGAGTACCAGTGGAATGGGCTCAATGACAG
2260      2270      2280      2290      2300      2310      2320

```

Fig. 54G

```

2280      2290      2300      2310      2320
H  --CAATCTCGGATATCCAC-----CTTGTTGG-GTATCTCAGCTCTCCGGGT-CTT-TACCCCTGTG-AT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  GACCATCGAGGGTGACTTCTTGTGGTCAGATGGTGCCCTCTGCTCTATGAAAACTGGAACCCCTGGGCAG
2330      2340      2350      2360      2370      2380      2390
2330      2340
H  CC-----CAGC-----CCCGCC-----ACTG-----ACCA---TCTGTGA----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  CCTGACACGCTACTTCTCTGTCTGTTGGGAGAACTGTGTGGTCATGGTGTGGCATGACCCAGGGACAGTGGAGTG
2400      2410      2420      2430      2440      2450      2460
2360      2370      2380      2390
H  ----CCCTTCC-CTGCCATTTGGGCC--CTCCA-----CCTGTGG--CTCACATCTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  ATGTGCCCTGCAACTACCATCTATCCTACACCTGCAAGATGGGGCTTGTGTCTGTGGGCTC-CACCCAC
2470      2480      2490      2500      2510      2520      2530
2400      2410      2420      2430      2440      2450      2460
H  GCCAGCCCCA-----CA-----GAGCATCCTCAG----GCCTCTCCAAGGGTCCTCATCACCTATTGCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  AGCTACCCCTGGCTCAAATATTGTGTCGCCCTCGGCTGCGCTACGGGTGGGATACTGTGCTTCGATATCG
2540      2550      2560      2570      2580      2590      2600
2460      2470      2480
H  --GCCTT--CAGG---GCTCGGC-----CTATTTTCCACTAC-----TCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M  ATGCCGAGACGGGCTGGCTCAGCGCAACCTGCCGTTGATCCGCTGCCAGGAGAATGGGCTTTGGGAGGCC
2610      2620      2630      2640      2650      2660      2670
```

Fig. 54H

```

2490      2500      2510      2520      2530
H CTTCA-TCCGCCCTGTGTGCC-----GTCC---CCTTTAGCTGC-CTCCT-----ATTGATCTC
: : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CCTCAGATTTCCCTGTGTACCCCGAGGCCCTGGCCGTGCTCTGCGCTCCATGGACGCCCCAGAACGACCCAC
2680      2690      2700      2710      2720      2730      2740

2540      2550      2560      2570      2580
H AGGGA-AGC-----CTGGGAGTC-CC-TTCTCACC--CCTC-AACCTCCGGAGT-CCAGGAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGGACAGCTCTCGAGGCACAGGAAGGCACCCGTTGACACCCGCCCTCCAGTCTCTAGGGAGCCTGGAAGAC
2750      2760      2770      2780      2790      2800      2810

2590      2600      2610      2620      2630
H CCGTACCCCCA-CAGAGCCTTAA-GCAACTACT-----TCT-----GTGAAGTATTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M TGCTGCCCCCAGCAGGACCCCTCTCACATCAACTGCCAGTGCTCTTCCCCATGATAGGGGTGACGTGAGA
2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880

2640      2650
H ----TTTGACTGT--TTCA-----TGGAAACA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGGTGGGACTGAAATTTCAGAGGACAGCGCTCGAAGGGGTTTCTGGGAAACACTTGGGTGGCTCCGCCCC
2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950

2660      2670      2680
H -----AGCCTTGGAAT-----AAATCTCTATTAA-----AC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CTCACACAAGGCCCTCAGGTTTACCCCGGTAAGTCCCTAAGTGCCTCACTGCCCTCTCATGTCAAGCTGC
2960      2970      2980      2990      3000      3010      3020
```

Fig. 54I

```

      2690                               2700
H CGCTTTGT-----AAC-----CAAAAAAAAAAAAAA
: : : : :                               : : : : :
M CTCCTTGTCCCTCGATNTCGTNAGGGGACACTGTGCTATTTCGATCTTGATTCGAAAGAGTTTTCAGGAT
3030 3040 3050 3060 3070 3080 3090

      2710                               2730
H AAA-----AAAAAAGGCGG--CC-----GC
: : : : : : : : : : : : : : :
M GGAGTACCAGCAAAACCAGGTGGAAATAAAGTTGTCTGAACCCAAAGAAAAA
3100 3110 3120 3130 3140 3150
```

Fig. 54J

```
Hum. MAPPAARLALLSAAALTLAARPAPSPGLPGPECF TANGADYRG TQNW TALQGGKPC LFWNETFQHPYNT 10 20 30 40 50 60 70
      :::::::::::::::::::::::  :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. MAPPAARLALLSAAALTLAARPAPGPR--SGPECF TANGADYRG TQSW TALQGGKPC LFWNETFQHPYNT 10 20 30 40 50 60
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::

Hum. LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGDVSPWCYVAEHEDGVYWKYCEIPACQMPGNLGCYKDHGNPPPLTGTSKT 80 90 100 110 120 130 140
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGDVSPWCYVAEHEDGVYWKYCEIPACQMPGNLGCYKDHGNPPPLTGTSKT 70 80 90 100 110 120 130
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::

Hum. SNKLLTIQTICISFCRSQRFKFAGMESGYACFCGNNPDYWKYGEAASTECNSVCFGDHTQPCGGDGRILLFD 150 160 170 180 190 200 210
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. SNKLLTIQTICISFCRSQRFKFAGMESGYACFCGNNPDYWKHGEAASTECNSVCFGDHTQPCGGDGRILLFD 140 150 160 170 180 190 200
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::

Hum. TLVGACGGNYSAMSSVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASHIHFSFPLFDIRDSADMVELLDGYTHRV 220 230 240 250 260 270 280
      :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Mur. TLVGACGGNYSAMAAVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASRIHFNFTLFDIRDSADMVELLDGYTHRV 210 220 230 240 250 260 270
```

Fig. 55A

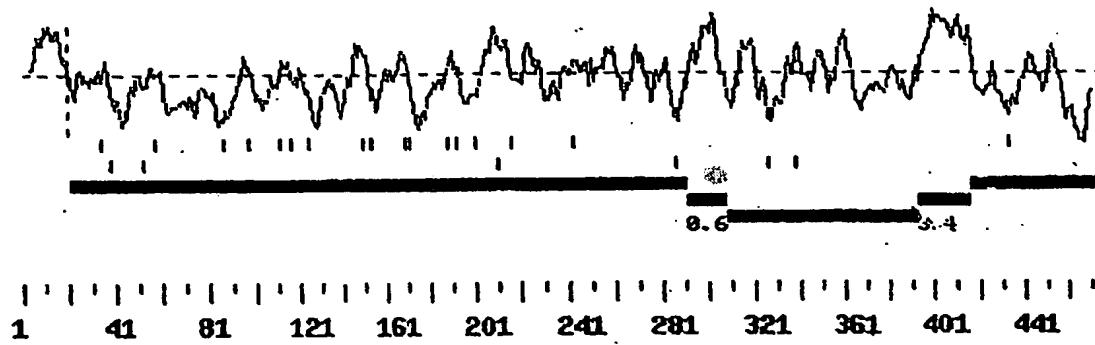


Fig. 56A

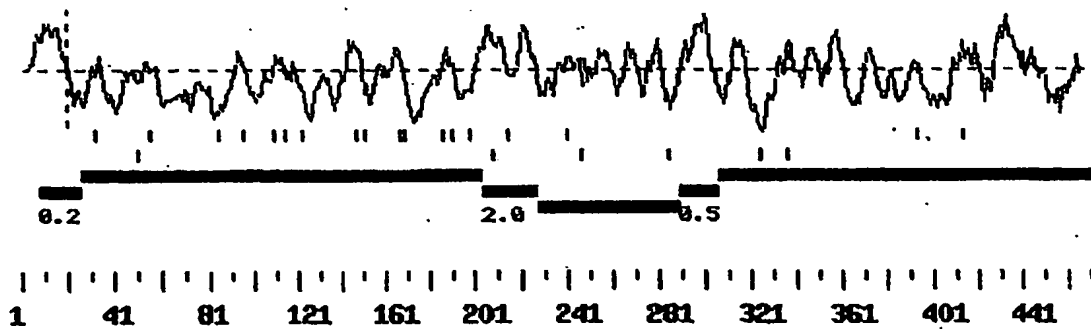


Fig. 56B

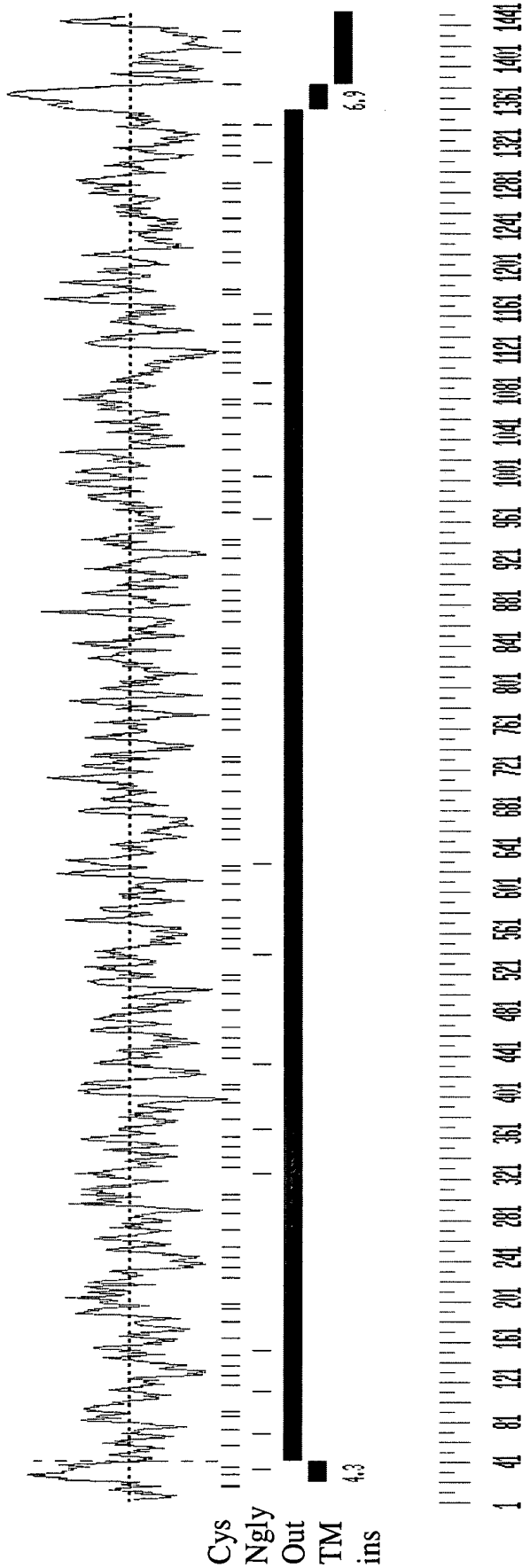


Fig. 57

```

10      20      30      40      50      60      70
Hum.  MMLPQNSWHIDFGRCCCHQNLFSAVVTCILLNSCFLISSFNGTDLELRLVNGDGPCSGTVEVKFQGWG
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
WC1  MAL-----GR---HLSLRGL---CVLLLLGT--MVG---GQALELRLLKDGVHRCEGRVEVKHQGEWG
      10      20      30      40      50

      80      90      100     110     120     130
Hum.  TVCDDGWNTTASTVVKQLGCPFSFAMFRFGQAVTR-HGKIWLDDVSCYGNESALWECQH---REWGSHN
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
WC1  TVDGYRWTLKDASVVCRLGCGAAIG-FPGGAYFGPGLPIWLLYTSCEGTSTVSDCEHSNIKDYRNDG
      60      70      80      90     100     110

      140     150     160     170     180     190     200
Hum.  CYHGEDVVCYGEANLGLRLVDGNNSCSGRVEVKFQERWGTICDDGWNLTAAVVCRLGCPSSFISGG
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
WC1  YNHGRDAGVVCSG-----FVRLAGDGPSCGRVEVHSGEAWIPVSDGNFTLATAQIICAELGCGKAVSVLG
      120     130     140     150     160     170     180

      210     220     230     240     250     260     270
Hum.  VNNSPAVLRPIWLDDILCQGNELALWNCRHRGWGNHDCSHNEDVTLTCYDSSDLELRLVGGTNRCMGRVE
      .      .      .      .      .      .      .
WC1  HELFRESSAQVWAEFRCEGEEPELWVCPRVPCPGGTCHHSGSAQVVC SAYSEVRL-MTNGSSQCEGQVE
      190     200     210     220     230     240     250
```

Fig. 58A

```

      280      290      300      310      320      330      340
Hum. LKIQRWGTVCHHKWNNAADVVKQLGCGTALHFAGLPHLQSGSDVWVL DGVSCSGNESFLWDCRHS GT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 MNISGQWRALCASHWSLANANVICRQLGCGVAISTPGGPHLVEEGDQILTARFHCSGAESFLWSCPVTAL
      260      270      280      290      300      310      320

      350      360      370      380      390      400      410
Hum. VNFDCLHQNDVSVICSDGADLELR LADGSNNCSGRVEVRIHEQWWTICDQNWKNEQALVVKQLGCPFSV
      . :: : : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 GGPDCSHGNTASVICS-GNQI-----QVLPQCND-----SV
      330      340      350

      420      430      440      450      460      470      480
Hum. FGSRRAKPSNEARDIWINISICTGNESALWDCITYDGKAKRTC FRRSDAGVICSDKADLDLRLVGAHSPCY
      :: :: : : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 -----SQPTGSA-----ASEDSA---PY-----CDSRQL--RLVDGGGPCA
      360      370      380

      490      500      510      520      530      540      550
Hum. GRLEVKYQGEWGTVCHDRWSTRNAAVVKQLGCGKPMHVFGMTYFKEASGPIWLDDVSCIGNESNIWDCE
      :: :: : : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1 GRVEILDQGSWGTICDDGWDLDARVVC RQLGCGEALNATGSAHFGAGSGPIWLDNLNCTGKESHVWRCP
      390      400      410      420      430      440      450
```

Fig. 58B

Fig. 58C

	840	850	860	870	880	890	900	
Hum.	NCGDAISLVGDHFGKGNGLTWA	EFQCEGSETHALCP	IVQHPEDTC	IHSREVGVVCSRY	TDVRLV-NG			
	::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	
WC1	GCGKAVSVLGHMPFRES	DGQVWAEFFRCDG	GEPELWSCPRV	PCPGGTCLHSGAAQ	VVCSVYTEVQLMKNG			
	740	750	760	770	780	790	800	
	910	920	930	940	950	960	970	
Hum.	KSQCDGQVEINVLGHWGSL	CDTHWDPEDARVLCRQL	SCGTALSTTGK	YIGERSVRVWGH	RFFHCLGNESL			
	::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	
WC1	TSQCEGQVEMKISGRWR	ALCASHWSLANANV	CRQLGCGVAIST	PRGPHLVEGGDQ	IATAQFHCSGAESF			
	810	820	830	840	850	860	870	
	980	990	1000	1010	1020	1030	1040	
Hum.	LDNCQMTVLGAPPCIHGN	TVSVICTGSLTQPLF	PCLANVSDPYLSA	VEGSALICLEDKRL	RLVVDGDSRC			
	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	
WC1	LWSCPVTALGDPDCSHGN	TASVICSGNHTQVLP	QCNDFLSQPAGSA	AASESSPYCSDSRQ	LRRLVDGGGPC			
	880	890	900	910	920	930	940	
	1050	1060	1070	1080	1090	1100	1110	
Hum.	AGRVEIYHDFWGTICDD	GWDLSDAHVVCQK	LGCGVAFNATVSA	HFGE	SGPIWLDD	DLNCTGTESHLWQC		
	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	: ::: ::::	
WC1	GGRVEILDQGSWGTICDD	WDLDARVVCRLGCG	GEALNATGSAHF	GAGSGPIWLDD	DLNCTGKESHVWRC			
	950	960	970	980	990	1000	1010	

Fig. 58D

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Hum.  PSRGWGQHDCRHKEDAGVICSEFTALRLYSETETESCAGRLEVFYNGTWGSVGRNRNITTAIAGIVCRQLG
      :::::::::::::::::::::: :::: :::: :::::::::::::: :::: ::::::::::::::
WC1  PSRGWGRHDCRHKEDAGVICSEFLALRMVSEDQQ--CAGWLEVFYNGTWGSVCRSPMEDITVSVICRQLG
      1020      1030      1040      1050      1060      1070

1190      1200      1210      1220      1230      1240
Hum.  CGENGVS LAPLSKTGSGFMWVDDIQCPKTHISIWQCLSA PWERRISSPAEETWITCEDR-----
      ::::: . . . :::: :::: :::::::::::::: :::: :::::
WC1  CGDSGSLNTSVGLREGSRPRWVDLIQCRKMDTSLWQCPSPWKYSSCPKEEAYISCEGRRPKSCPTAAA
      1080      1090      1100      1110      1120      1130      1140

1250      1260      1270      1280      1290      1300
Hum.  -----IRVRGGDTECSGRVEIWHAGSWGTVCDSDSLAEAEVVCQQLGCGSALALRDASFQGTGTIW
      :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
WC1  CTDREKRLRLRGGDSECSGRVEVWHNGSWGTVCDSDSWSLAEAEVVCQQLGCGQALEAVRSAAFPGNGSIW
      1150      1160      1170      1180      1190      1200      1210

1310      1320      1330      1340      1350      1360
Hum.  LDDMRCKGNESFLWDCHAKPWGQDCCGHKEDAGVRCSG-----QSLKSLNASSGHLALI
      :::::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
WC1  LDEVQCGGRESLWDCVAEPWGQSDCKHEEDAGVRCSGVRTTLPTTTAGTRTTSNSLPGIFSLPGVLC LI
      1220      1230      1240      1250      1260      1270      1280
```

Fig. 58E

Fig. 59B

```

560      570      580      590      600      610      620
Hum.  ACTGAACTACTGCTGCCGTGGTGTGCAGGCAACTAGGATGTCCATCTTCTTTATTCTTCTGGAGTTGT
      .:. . .:. .:.:.:. .:. .:.:.:. .:
WC1   TCACACTTGCCCACTGCC-----CAG-----ATCATCTGT-----GCAGAGTTGGG
490      500      510      520

630      640      650      660      670      680      690
Hum.  TAATAGCCCTGCTGTATTGCGCCCCCATTTGGCTGGATGACATTTTATGCCAGGGGAATGAGTTGGCACT-
      :.:.:.:. .:.:.:. .:.:.:. .:.:.:. .:.:.:. .:.:.
WC1   TTGTGGC-----AAGGCTG--TGTCTGT-----CCTGGGACATGAG-----CTCTTT
530      540      550      560

700      710      720      730      740      750      760
Hum.  CTGGAATTGCAGACATCGTGGATGGGAAATCATGACTGCAGTCACAAATGAGGATGTACATTAACCTTGT
      :.:.:. .: .:. .: .:. .: .:. .: .:. .: .:. .:
WC1   CAGAGAGTCCAGT-GCC-----CAGGTCTG--GGC-----TGAAGAGTTCA-----GG
570      580      590      600

770      780      790      800      810      820      830
Hum.  TATGATAGTAGTGATCTTGAACTAAGGCTTGTAGGTGGAACTAACCGCTGTATGGGGAGAGTAGAGCTGA
      :.:.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
WC1   TGTGAGGGGAGGAGCCTGAGCT-----CT-----GGTCTGCCCC-CAGAGTG-----CCCTG-
610      620      630      640      650
```

Fig. 59C

```

      840      850      860      870      880      890      900
Hum.  AATCCAAGGAGTGGGGACCGTATGCCACCAATAAGTGGAACAAATGCTGCAGCTGATGTCGTATGCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ---TCCA-----GGGGCACGTGT--CACCACA-GTGGATC--TGCT-CAGGTTGTTTGTTCAGCAT
      660      670      680      690      700

      910      920      930      940      950      960      970
Hum.  GCAGTTGGGATGTGGAACCGCACTTCACCTTCGCTGGCTTGCCCTCATTTGCAGTCAGGGTCTGATGTTGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ACT-----CAGAAGTCCGGCTCATGACAA-AC-GGCT--CCTC-TCAG-TGTGAAGGGCAGGTGGAGAT
      710      720      730      740      750      760

      980      990      1000      1010      1020      1030      1040
Hum.  TGGCTTGATGGTGTCCTCCTCGGTAATGAATCTTTCTTTGGACTGCAGACATTCGGGAACCGTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GAACATT-----TCTG-GACAATGGAGAGCGCTCTGTGCTCCC-CTGGAGTCTGGCCCAATGCC---A
      770      780      790      800      810      820

      1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
Hum.  ATTTTGACTGTCTTCATCAAAACGATGTGTCTGTGATCTGTCTCAGATGGAGCAGATTTGGAACCTGCGACT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ATGTTATCTGTCGTGAGTCCGGCTGTGGAGTTGCCATCTCCACCCCGGAG-----GACCAC-ACT
      830      840      850      860      870      880
```

Fig. 59D

Fig. 59E

```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Hum.  CTGGAGTAATTTGTTCTGATAAAGGCAGATCTGGACCTAAGGCTTGTCGGGGCTCATAGCCCCCTGTTATGG
      :: ...      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CTCAGA-----CAG--CAGGCAGCTCCG--CCTGGTG---GACGGGG-GC--GGTCCCTGCGCCGG
1110      1120      1130      1140      1150      1160

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Hum.  GAGATTGAGGTGAATAACCAAGGAGAGTGGGGACTGTGTGTCATGACAGATGGAGCACAAGG-AATGC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  GAGAGTGGAGATCCTTGACCCAGGGCTCCTGGGGCACCATCTGTGATGACGGCTGGGAC-CTGGACGATGC
1170      1180      1190      1200      1210      1220

1530      1540      1550      1560      1570      1580      1590
Hum.  A-GCTGTTGTGTGTAACAATTTGGGATGTGGA-AAGCCTATGCATGTGTTGGTATGACCTATTTTAAAG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CCGC-GTGGTGTGCAGGCAGCTGGGCTGTGGAGAAAGCCCTCA-ATGCCACGGGGTCTGCTCACTTCGGGG
1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290

1600      1610      1620      1630      1640      1650      1660
Hum.  AAGCATCAGGACCTATTGCGCTGGATGACGTTTCTTGCAATTGGAATGAGTCAAAATATCTGGGACTGTGA
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CAGGATCAGGGCCCCATCTGGTTGGACAACCTGAACTGCACAGGAAAGGAGTCCCACGTGTGGAGGTGCC
1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360
```

Fig. 59F

```
1670      1680      1690      1700      1710      1720      1730
Hum.  ACACAGTGGATGGGAAAGCATAAATTGTGTACACAGAGAGGATGTGATTGTAACTGCTCAGGTGATGCA
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1370      1380      1390      1400      1410      1420      1430
WC1  TTCCCCGGGGCTGGGGCAGCACAACTGCAGACACACAAGCAGGACGGGGGTCTATCTGCTCAG--AGTTC-
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1740      1750      1760      1770      1780      1790      1800
Hum.  ACATGGGGCCTGAGGCTGGTGGCGGCAGCAACCGCTGCTCGGGAAGACTGGAGGTGTACTTCAAGGAC
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1440      1450      1460      1470      1480      1490      1500
WC1  -CT--GGCCCTCAGGATGGTGAGTGAGGACCAGCAGTGTGCTGGGTGGCTGGAAGTTTCTACAATGGGA
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1810      1820      1830      1840      1850      1860      1870
Hum.  GGTGGGGCACAGTGTGTGATGACGGCTGGAAACAGTAAAGCTGCAGCTGTGGTGTGTAGCCAGCTGGACTG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1510      1520      1530      1540      1550      1560      1570
WC1  CCTGGGGCAGTGTCTGCCGTAACCCCATGGAAAGACATCACTGTGTCCACGATCTGCAGACAGCTTGGCTG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1880      1890      1900      1910      1920      1930      1940
Hum.  CCCATCTTCTATCATTTGGCATGGGTCTG-GGAAACGCTTCTA-CAGGATATGGAATAATTGGCTCGATG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1580      1590      1600      1610      1620      1630
WC1  T--GGGGACAGTGAACCCCTCAACTCTTCTGTGTCTCTTAGAGAAGGTTTTAGGCCACACAGTGGGTGGAT-
```

Fig. 59G

```

1950      1960      1970      1980      1990      2000      2010
Hum.  ATGTTTCCTGTGATGGAGATGAGTCAGATCTCTGGTCAATGCAGGAACAGTGGGTG--GGGAAATAATGAC
      ..... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  -AGAAATCCAGTGTGGAAAACTGACACCTCTCT---CTGGCAGTGTCTCTGACCCCTTGGAATTACAAC
1640      1650      1660      1670      1680      1690      1700

      2020      2030      2040      2050      2060      2070      2080
Hum.  TGCAGTCACAGTGAAGATGTTGGAGTG-ATCTGTTCATG-CATCGGATATGGAGCTGAGGCTGTGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  T-CATGCTCTCCAAAGGAGGAAAGCCCTATATCTGGTGTGCAGACAGCAGACA--GATCCGC--CTGGTGGA
1710      1720      1730      1740      1750      1760

      2090      2100      2110      2120      2130      2140      2150
Hum.  TGGAAAGCAGCAGGTGTGCTGGAAAGTTGAGGTGAATGTCCAGGGTGCCGTGGGAATTCTGTGTGCTAAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  TGGAGTGGTGGTGGTGGAGAGTGGAGATCCTTGACCCAGGGCTCCTGGGGCACCATCTGTGATGAC
1770      1780      1790      1800      1810      1820      1830

      2160      2170      2180      2190      2200      2210      2220
Hum.  GGCTGGGGAATGAACATTGCTGAAGTTGTTGCAGGCAACTTGAATGTGGGTCTGCAATCAGGGTCTCCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CGCTGGGACCTGGACGATGCCCCGTGTGGTGTGCAAGCAGCTGGGCTGTGGAGAAGC---CCTGGACGCCA
1840      1850      1860      1870      1880      1890      1900
```

Fig. 59H

```

2230      2240      2250      2260      2270      2280
Hum.  GAGA-GCCTCATTTACACAGAA--AGAACATTACACATCTTAAATGTCGAATTCTGGCTGCACCTGGAGGGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CTGTCTCTTCCTTCTTCGGACGGGATCAGGGCCCATCTGGCTGGATGAACTGCACTGCAGAGGAGAGGA
1910      1920      1930      1940      1950      1960      1970

2290      2300      2310      2320      2330      2340      2350
Hum.  AGCCTCTCTCTGGGATGTATACGATGGGAGTGGAACAG-ACTGCGTGTCAATTAAATATGGAAGCAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTCCCCAAGTATGGAGGTGCCCTTCCTGGGGATGGCGGCAACACAAC-TGCAATCATCAAGAAAGATGCAGG
1980      1990      2000      2010      2020      2030      2040

2360      2370      2380      2390      2400      2410      2420
Hum.  TTTGATCTGCTCAGCCCAACAGGCAGCCAGGCTGGTTGGAGCTGATATGCCCTGCTCTGGACGTGTTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  AGTCATCTGCTCAGGATTGTGTC-----GTCTGGCTGGAGGAGATGGACCCCTGCTCAGGGCCGAGTAGAA
2050      2060      2070      2080      2090      2100

2430      2440      2450      2460      2470      2480      2490
Hum.  GTGAAACATGCAGACACATGGCGCTCTGTCTGTGATTCGATTTCTCTCTCATGCTGCCAATGT--GCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTGCATTTCTGGAGAAGCCCTGGACCCCAAGTGTCTGTATGGAAACTTCACACTCCCCACTGCCAGGTCATCT
2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170
```

Fig. 59I

Fig. 59J


```

3060      3070      3080      3090      3100      3110      3120
Hum.  ATATTGCTGCAGTTCAGAGGGCAGTGCTTTGATCTGCTTAGAGGACAAACGGCTCCGCCCTAGTGGAT
      .  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
WC1   TGCAGGCTCTCGGCCCTCAGAGGAGAGTTCTCCCTACTGCTCAGACAGCAGGCAGCTCCGCCCTGGTGGAC
2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800

3130      3140      3150      3160      3170      3180      3190
Hum.  GGGACAGCCGCTGTGCCGGGAGAGTAGAGATCTATCACGACGGCTTCTGGGCACCATCTGTGATGACG
      :::::  :  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :
WC1   GGGGCGGTCCCTGCGGCGGAGAGTGGAGATCCTTGACCAGGGCTCCTGGGGCACCATCTGTGATGATG
2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870

3200      3210      3220      3230      3240      3250      3260
Hum.  GCTGGGACCTGAGCGATGCCACCGTGGTGTGTCAAAAGCTGGGCTGTGGAGTGGCCTTCAATGCCACGGT
      :::::  :::::  :::::  :::::  ..  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
WC1   ACTGGGACCTGGACGATGCCCGTGTGGTGTGCAGGCAGCTGGGCTGTGGAGAAGCCCTCAATGCCACGGG
2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940

3270      3280      3290      3300      3310      3320      3330
Hum.  CTCTGCTCACTTTGGGAGGGGTCAGGGCCCATCTGGCTGGATGACCTGAACCTGCACAGGAACGGAGTCC
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
WC1   GTCTGCTCACTTCGGGCGAGGATCAGGGCCCATCTGGCTGGACGACCTGAACCTGCACAGGAAGGAGTCC
2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
```

Fig. 59L

Replacement Sheet 180 of 213

Fig. 59M

```
3610      3620      3630      3640      3650      3660      3670
Hum.  GTTTCATGTGGTGGATGACATTCAGTGTCTAAACGCATATCTCCATATGGCAGTGCCTGTCTGCCCC
      :: : ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: :
WC1  GACCCCGTGGTAGATTAAATTCAGTGTGCGAAATGGATACCTCTCTCTGGCAGTGTCTCTGGCCC
3290      3300      3310      3320      3330      3340      3350

3680      3690      3700      3710      3720      3730      3740
Hum.  ATGGAGCGAAGAAATCTCCAGCCCAGCAGAAAGAGACCTGGATCACATGTGAAGATAGAATA---AGAG-
      ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: :
WC1  ATGGAAATACAGTTTCATGCTCTCCAAAGGAGGAAGCCTACATCTCATGTGAAGGAAGAACCCAAAGGC
3360      3370      3380      3390      3400      3410      3420

Hum.  -----TGC-----
      : :
      : ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: :
WC1  TGTCCAACTGCTGCCGCCCTGCACAGACAGAGAGAGCTCCGCCCTCAGGGGAGGAGACAGCGAGTGTCTCAG
3430      3440      3450      3460      3470      3480      3490

3770      3780      3790      3800      3810      3820      3830
Hum.  GGAGAGTGGAGATCTGGCACGCGAGGCTCCTGGGGCACAGTGTGTGATGACTCCTGGGACCTGGCCGAGGC
      :: ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: : ::::::::::: :
WC1  GGCGGTGGAGGTGTGGCACAAACGGCTCCTGGGGCACCGTGTGCGATGACTCCTGGAGCCTGGCAGAGGC
3500      3510      3520      3530      3540      3550      3560
```

Fig. 59N

Fig. 590

```

4100      4110      4120      4130      4140
Hum.  G-----TATCTT-----TGGGCTC-CTTCTC-----CTGGTTCT-----GTTTATTCTATTCTCA
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1   GGGGTTCTCTGCCCTTATCCTGGGGTCGGCTTCTCTCCCTGGTCCTCGTCATCCCTGGTGACTCAGCTACTCA
3850   3860   3870   3880   3890   3900   3910

      4150      4160      4170      4180
Hum.   CGTGGTG--CCGAGTTCAGAAACAAAACATCT-----GCCC---CT-----CAGAGTTT-----
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1   GATGGAGAGCAGAGCGCAGAGCCCTATCCAGCTATGAAGATGCTCTTGCTGAAGCTGTGTATGAGGAGCT
3920   3930   3940   3950   3960   3970   3980

      4190      4200      4210      4220
Hum.   -----CAAC-----CAGAAGGAGGG---GTTCT-CTCG---AGGAGAAATTATTCCATGA-----
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1   CGATTACCTTCTGACACAGAGAAGGAGTCTGGGCAGCCACAGATCAGATGATGTCCCTGATGAAAT
3990   4000   4010   4020   4030   4040   4050

      4230      4240      4250
Hum.   ---GATGGAG-----ACCTG-----CCTC-----AAGAGAGAGGAC
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
WC1   TATGATGATGCTGAAGAAGTACCAGTGCCCTGGAACCTCCTTCTCCCTCTCAGGGGAATGAGGAGGAAGTGC
4060   4070   4080   4090   4100   4110   4120
```

Fig. 59P

```

4260      4270      4280      4290
Hum.  CCACATGGGACAAGAAC-----CTCAGA-TGACAC---CC-----CCAA-----
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1   CCCCAGAGAAAGGAGGACGGGTGAGGTCCTCTCAGACAGGCTCTTTCCTGAACCTTCTCCAGAGGCAGC
4130      4140      4150      4160      4170      4180      4190
      4300      4310      4320      4330
Hum.  -----CCATGGTT--GTGAAGA-----TGCTAGCGACAC-----ATCGCTG--TTGGGAGTT
      :: :: . . :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1   TAAATCCTGGGGAAGGAGAAGAGAGAGCTTCTGGCTGCTCCAGGGGAAGAAAGGGGATGCTGGGTATGATGAT
4200      4210      4220      4230      4240      4250      4260
      4340      4350
Hum.  CTT-----CCTG-----CCTCTGAAGCCACAAAA
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1   GTTGAACTCAGTGCCCTGGGGAACATCCCCAGTGACTTTCTCG
4270      4280      4290      4300
```

Fig. 59Q

Applicant: Christopher C. Fraser, et al.

Title: ANTI-TANGO294 ANTIBODIES AND USES THEREOF (as amended)

Attorney/Agent: Mario Cloutier

Docket No.: MPI2000-535OMNICN1M

Replacement Sheet 185 of 213

Hum.	10	20	30	40	50	60	70
	MALPALGLDPWSLLGLFLFQLQLLLPTTAGGGGQGPMPRVRYVAGDERRALSFHHQKGLQDFDTLLLS						
 :						
Mur.	10	20	30	40	50	60	70
	MALPSLGQDSWSLLRVFFFQLFLPSLPPASGTGGQGPMPRVKYHAGDCHRALSFHHQKGLRDFDTLLLS						
 :						
Hum.	80	90	100	110	120	130	140
	GDGNTLYVGAREAILALDIQDPGVPRLKNMIPWPAHDRKKSECAFKKKSNETQCFNFIRVLVSYNVTHLY						
 :						
Mur.	80	90	100	110	120	130	140
	DDGNTLYVGARETVLALNIQNPGIPRLKNMIPWPAERKKTECAFKKKSNETQCFNFIRVLVSYNATHLY						
 :						
Hum.	150	160	170	180	190	200	210
	TCGTFAFSPACTFIELQDSYLLPISEDKVMEKGQSPFDPAHKHTAVLVDGMLYSGTMNFFLGSEPILMR						
 :						
Mur.	150	160	170	180	190	200	210
	ACGTFAFSPACTFIELQDSLLLPILIDKVMGKGQSPPLTFTSTQAVLVDGMLYSGTMNFFLGSEPILMR						
 :						
Hum.	220	230	240	250	260	270	280
	TLGSQPVLTNDNLRWLHHDASFVAAIPTQVVYFFFEETASEFDFFERLHTRSARVCKNDVGGEKLLQ						
 :						
Mur.	220	230	240	250	260	270	280
	TLGSHPVLTDDIFLRWLHADASFVAAIPTQVVYFFFEETASEFDFFEELYISRVAQVCKNDVGGEKLLQ						
 :						

Fig. 60A

Hum.	290	300	310	320	330	340	350
	KKWTTFLKAQLLCTQPGQLPFNVIRHAVLLPADSPTAPHIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSLLDIERVF						
	::						
Mur.	290	300	310	320	330	340	350
	KKWTTFLKAQLLCAQPGQLPFNIIRHAVLLPADSPSVSRIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSLTDIERVF						
	::						
Hum.	360	370	380	390	400	410	420
	KGKYKELNKETSRWTTYRGPETNPRPGSCSVGPSSDKALTFMKDHFLLMDEQVVGTPLLVKSGVEYTRLAV						
	::						
Mur.	360	370	380	390	400	410	420
	KGKYKELNKETSRWTTYRGSEVSPRPGSCSMGPSSDKALTFMKDHFLLMDEHVVGTPLLVKSGVEYTRLAV						
	::						
Hum.	430	440	450	460	470	480	490
	ETAQGLDGHSHLVMYLGTGTGSLHKAVVSGDSSAHLVEEIQLFDPPEVRNLQLAPTQGA VFGVFGSGVW						
	::						
Mur.	430	440	450	460	470	480	490
	ESARGLDGSSHVVMYLGTTGTLHKAVVPQDSSAYLVEEIQLSPDSEVRNLQLAPAQGA VFAFGSGGIW						
	::						
Hum.	500	510	520	530	540	550	560
	RVPRANC SVYESCVDCVLARDPHCAWDPESTRCCLLSAPNLNSWKQDMERGNPEWACASGPM SRSLSLRPQS						
	::						
Mur.	500	510	520	530	540	550	
	RVPRANC SVYESCVDCVLARDPHCAWDPESTRCLLSGST-KPWKQDMERGNPEWVCTRGP MARSPPRRQS						

Fig. 60B

Hum.	570	580	590	600	610	620	630
	RPQIIKEVLAVPNSILELPCPHLSALASYWSHGPAAPPEASSTVYNGSLLLIVQDGVGGLYQCWATENG						

Mur.	560	570	580	590	600	610	620
	PPQLIKEVLTVPNSILELRCPHLSALASYWSHGRAKISEASATVYNGSLLLLPQDGVGGLYQCVATENG						

Hum.	640	650	660	670	680	690	700
	FSYPVISYWVDSQDQTLALDPELAGIPREHVKVPLTRVSGGAALAAQQSYWPHFVTVTVLFALVLSGALI						

Mur.	630	640	650	660	670	680	690
	YSYPVVSYWVDSQDQPLALDPELAGVPRERVQVPLTRVGGGASMAAQRSYWPHFLIVTVLLAIVLLGLVLT						

Hum.	710	720	730	740	750	760	
	ILVASPLRALRARGKVQGCETLRPGEKAPLSREQHLQSPKECRTSASDVDADNNCLGTEVA						

Mur.	700	710	720	730	740	750	760
	LLLASPLGALRARGKVQCGMPLPREKAPLSRDQHLQPSKDHRTSASDVDADNNHLGAEVA						

Fig. 60C

	270	260	250	240	230	220	210
--	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Fig. 61A

530	540	550	560	570	580	590	
Hum.	GGAGACAAGGTCATGGAGGAAAGGCCAAAGCCCTTTGACCCCGCTCACAAGCATACG-GCTGTCTT						
	
Mur.	GATAGACAAGGTCATGGACGGGAAGGGCCAAAGCCC-TTTGACCCCTGTTTCAACAAGCACACAAGCTGTCTT						
560	570	580	590	600	610	620	
600	610	620	630	640	650	660	
Hum.	GGTGGATGGGATGCTCTATTCTGGTACTATGAACAACTTCTGGGCAGTGAGCCCCATCCTGATGCGCACA						
	
Mur.	GGTCGATGGGATGCTTTATTCCGGCACCATGAACAACTTCTGGGCAGCGAGCCCCATCCTGATGCGGACA						
630	640	650	660	670	680	690	
670	680	690	700	710	720	730	
Hum.	CTGGATCCCAGCCTGTCTCAAGACCGACAACCTTCTCCGCTGGCTGCATCATGACGCCCTCCTTTGTGG						
	
Mur.	CTGGATCCCATCCTGTCTCAAGACTGACATCTTCTTACGCTGGCTGCACGCGGATGCCCTCCTTCGTGG						
700	710	720	730	740	750	760	
740	750	760	770	780	790	800	
Hum.	CAGCCATCCCCTTCGACCCAGGTCGTCTACTTCTTCTCGAGGAGACAGCCAGCGAGTTTGACTTCTTTGA						
	
Mur.	CAGCCATTCCATCCACCCAGGTCGTCTATTTCTTCTTTGAGGAGACAGCCAGCGAGTTTGACTTCTTTGA						
770	780	790	800	810	820	830	

Fig. 61C

Fig. 61D

1330 1340 1350 1360 1370 1380 1390

Fig. 61E

1370	1380	1390	1400	1410	1420	1430
Hum. AGGCTGTGTAAGTGGGACAGCAGTGTCTCATCTGGTGGAAAGAGATTTCAGCTGTTCCTGACCCCTGAACC						
1400	1410	1420	1430	1440	1450	1460
Mur. AGGCTGTGTTGCCCTCAGGACAGCAGTGTCTTATCTCGTGGAGGAGAGATTTCAGCTGAGCCCTGACTCTGAGCC						
1440	1450	1460	1470	1480	1490	1500
Hum. TGTTCGCAACCTGCAGCTGGCCCCCCCCACCCAGGGTGCAGTGTTCGTAGGCTTCTCAGGAGGTGTCTGGAGG						
1470	1480	1490	1500	1510	1520	1530
Mur. TGTTCGAAACCTGCAGCTGGCCCCCCCCAGGGTGCAGTGTTCGAGGCTTCTCTGGAGGCATCTGGAGA						
1510	1520	1530	1540	1550	1560	1570
Hum. GTGCCCCGAGCCAACTGTAGTGTCTATGAGAGCTGTGTGGACTGTGTCCCTTGCCCCGGGACCCCTGCTGTG						
1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600
Mur. GTTCCCAGGGCCCAATTGCAGTGTCTACGAGAGCTGTGTGGACTGTGTGCTTGCCAGGGACCCCTCACTGTG						
1580	1590	1600	1610	1620	1630	1640
Hum. CCTGGGACCCCTGAGTCCCGAACCTGTTGCCCTCCTGTCTGTGCCCCCAACCTGAACCTCCTGGAAGCAGGACAT						
1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670
Mur. CCTGGGACCCCTGAATCAAGACTCTGCAGCCCTTCTGTCTGGCTC-TACCAAGCCT--TGGAAGCAGGACAT						

Fig. 61F

	1650	1660	1670	1680	1690	1700	1710
Hum.	GGAGCGGGAA	CCAGAGTGG	GCATGTCC	AGTGGCCCA	TAGCAGGAG	CCCTTCGG	CCTCAGAGCCGC
	1680	1690	1700	1710	1720	1730	1740
Mur.	GGAA	CGCGCA	ACCCGAG	TGGGTAT	GCACCCG	TGGCCCA	TAGGCCAGGAGCCCGGCTCAGAGCCCC
	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780
Hum.	CCGCAAA	TCA	TAAAGAA	GTCCCTGG	CTGCCCA	ACTCCATC	CTGGAGCTCCCCCTGCCACCTGTCTAG
	1750	1760	1770	1780	1790	1800	1810
Mur.	CCTCA	ACTA	ATAA	AGAGT	CTGACAG	TCCCCAA	CTCCATCTGGAGCTGGCTGCCCCACCTGTCTAG
	1790	1800	1810	1820	1830	1840	1850
Hum.	CCTTGG	CCCTCT	TATTA	TATGGAG	TCA	TGGCC	CAGCAGTCCAGAA
	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880
Mur.	CAC	TGGCC	CTCTT	ACCACTGG	CGGAG	CCAAA	ATCTCAGAA
	1860	1870	1880	1890	1900	1910	1920
Hum.	CTCC	CTCT	TGCTG	ATAGT	GCAGG	ATGGAG	TGGGGTCTCTACCA
	1890	1900	1910	1920	1930	1940	1950
Mur.	CTCC	CTCT	TGCTG	CTGCC	CAGG	ATGGT	GTCCGGGGCTCTACCA

Fig. 61G

	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990												
Hum.	TCATACCC	TGTGATC	TCCTACT	GGTGG	GACAG	CCAGAC	CCCTGG	CCCTGG	ATCCTG	AACTGG	CAG								
	1960	1970	1980	1990	2000	2010	2020												
Mur.	TCATACCC	TGTGTC	CTCCTAT	TGGTAG	ACAGCC	AGACCC	CCCTGG	CCCTGG	ACCTG	AGCTGG	CGG								
	2000	2010	2020	2030	2040	2050	2060												
Hum.	GCATCCCC	GGGAG	CATGTGA	AGTCC	CGTTG	ACCAGG	GTCA	GTGG	GGCC	CGCC	TGGC	TGCC	CAGCA						
	2030	2040	2050	2060	2070	2080	2090												
Mur.	GGCTTCCC	CGTG	AGCGT	GCAGG	TCCCG	CTGAC	CAAGG	TCCG	AGCG	AGCTTC	CA	TGGC	TGCC	CAGCG					
	2070	2080	2090	2100	2110	2120	2130												
Hum.	GTCC	TACTGG	CCCC	AC	TTTGT	CAC	TGTCA	CTGT	CCCT	TTTGC	CTTAG	TGCT	TCAG	GAGC	CCCTCA	TATC			
	2100	2110	2120	2130	2140	2150	2160												
Mur.	GTCC	TACTGG	CCCC	ATTT	CTCAT	CGTTA	CCGT	CCCT	CGCC	ATCG	TGCT	CTCC	TGG	AGTG	CTCA	CTC			
	2140	2150	2160	2170	2180	2190	2200												
Hum.	CTCG	TGGC	CTCC	CCAT	TGAG	AGCA	CTCC	GGG	CTCG	GGG	CAAG	TTCA	G	GGCTG	TGAG	ACCC	TGCG	CCCTG	
	2170	2180	2190	2200	2210	2220	2230												
Mur.	CTCC	TGCT	TCCC	CACT	TGGG	GGCG	CTCG	GGG	CTCG	GGG	TAAG	TTCA	G	GGCTG	TG	GGATG	CTG	CCCC	CCCA

Fig. 61H

Hum.	GGGAGAAAGGCCCGTTAAGCAGAGAGCAACCTCCAGTCTCCCAAGGAATGCAGGACCTCTGTGCCAGTGA	2210	2220	2230	2240	2250	2260	2270
	GGGAAAAGGCTCCACTGAGCAGGGACCAGCACCTCCAGCCCTCCAAGGACCAACAGGACCTCTGTGCCAGTGA	2240	2250	2260	2270	2280	2290	2300
Hum.	TGTGGACGCTGACAACTGCCTAGGCACCTGAGTAGCTTAAACTCTAGGCACAGG-CGGGGGCTG--C	2280	2290	2300	2310	2320	2330	2340
	CGTAGATGCCGACAAACCACTCTGGGCGCCGAAAGTGGCTTAAACA-GGGACACAGATCCGCAGCTGAGC	2310	2320	2330	2340	2350	2360	2370
Hum.	GGTGAGGCACCTGGCCATGCTGGCTGGCGGCCCAAGCACAGCCCTGACTAGGATGACAGCAGCACAAA	2350	2360	2370	2380	2390	2400	2410
	AGAGCAAGCCACTGGCCCTGTTGGCTATGC-----CAGGCACAG-----TGCCACTCT--	2380	2390	2400	2410			2420
Hum.	AGACCACCTTTCTCCCCCTGAGAGGAGCTTCTGTCTACTCTGTCATCACTGATGACACTCAGCAGGGTGATGC	2420	2430	2440	2450	2460	2470	2480
	-GACCA-----GGGTAGGAG--GCT-CT-C-CTGCTA-ACGTGTGTCAAC-CTACAG-----C		2430	2440	2450	2460	2470	2480

Fig. 61I

```

2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550
Hum.  ACAGCAGTCTG-CCTCCCTATGGGACTCCCTTCTACCAAGCACATGAGCTCTCTAACAGGGTGGGGGCT
      :: :::: : :::::::::::::::::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  ACC-CAGTAGGTCCTCCCTGTGGGACTCTCTTCTGC-AAGCACATT-----GGGCT
      2470      2480      2490      2500      2510

2560      2570      2580      2590      2600      2610
Hum.  ACCCCCAGACCTGCTCCTACACTGATA-TTGAAGAACCTGGAGAGGATCCTTCAGTTCTGGCCCATTCAG
      . : :: ::::: . : . ::::: . : ::::: ::::: ::::: ::::: .. ::::
Mur.  GTCTCCATACCTGTACTTGTGCTGTGACAGGAAGAGCCAGAC-AGGTTTCTTTGATTTTGATTGACCCAA
      2520      2530      2540      2550      2560      2570      2580

2620      2630      2640      2650      2660      2670      2680
Hum.  GGACCCCT-CCAGAAACACA-GTGTTTCAAGAGATCCTAATAAAACCTGCCTGTCCAGGACCCCTATGGTA
      ::::: ::::: ::::: : ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  GAGCCCTGCCCTGTAAACAAACGTGCTCCAGGAGA-CCATGAAAGGTGTGGCTGTCT-GGGATTCTGTGGTG
      2590      2600      2610      2620      2630      2640      2650

2690      2700      2710      2720      2730      2740      2750
Hum.  ATGAACACCCAAACATCTAAACAATCATATGCTAA-CATGC---CAC--TCCTGGAAACT-CCACTCTGAA
      : :::: : ::::: ::::: . . ::::: : ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
Mur.  ACAAAC-CTAAGCATCCGAGCAAGCTGGGGCTATTCTCTGCAAACTCCCATCCTGAACGCTGTCACTCTAGA
      2660      2670      2680      2690      2700      2710      2720
```

Fig. 61J

```

                2760      2770      2780      2790      2800      2810
Hum.  ----GCTGCCGCTTTGGACACCAACACTCCCTTCT-CCCAGG-GTCATGCAGGGATCTGCTCCCTCCTGC
          :::::::::::::::::::: : :::::::::: : :::::::::: : :::::::::: : :
Mur.  AGCAGCTGCTGCTTTGAACACACAGCCACCCCTCCTTCCCAAGAGTCTCTATGGAGTTGGC-CCCTTGTTGT
                2730      2740      2750      2760      2770      2780      2790

                2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880
Hum.  TTCCCTTACCAGTCGTGCACCGCTGACTCCAGGAAGTCTTCCCTGAAGTCTGACCACTTCTCTCTTGC
          :::::::::::::: : :::::::::: : :::::::::: : :::::::::: : :::::::::: :
Mur.  TTCCCTTACCAGTCGGGCCATACTGTTT---GGGAAGTCATCTCTGAAGTCTAACCACTTCCCTTCTTGG
                2800      2810      2820      2830      2840      2850

                2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950
Hum.  TTCAGTTGGGCAGACTCTGATCCCT---TCTGCCCTGGCAGAAATGGCAGGGGTAATCTGAGCCCTTCTTC
          :::::::::: : : : : : :::::::::: : : : : : :::::::::: : : : : : :::::::::: :
Mur.  TTCAGTTGGACAGATTGTTATTATTGTCCTCTGCCCTGGCTAGAAATGGGGGCATAATCTGAGCCCTTGTTC
                2860      2870      2880      2890      2900      2910      2920

                2960      2970      2980      2990      3000      3010
Hum.  ACTCCTTTACCC---TAGCTGACCCCTTACCTCTCC--CCTCCCTTTTCCCTTTTGGGATTCAGA
          :::: : : :::::::::: : : :::::::::: : : :::::::::: : : :::::::::: :
Mur.  ---CCTTGTCAGTGGCTGACCC-TTGACCTCTTCCCTTCCCTCC---TCCCTTTGTTTGGGATTCAGA
                2930      2940      2950      2960      2970      2980      2990
```

Fig. 61K

```

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Hum.  AAAC TGCTGTCAGAGAC TGTTATTTT TTTATTA AAAAATATAAGGCTTAAAAA AAAAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  AAAC TGCTGTCAGACACAATTATTT TTTTATTA AAAA-----AGATATAA
      3000      3010      3020
3090      3100
Hum.  AAAAAAAGGGCGGCCGC
      . . . . .
Mur.  GCTTTAAAG-----
      3040
```

Fig. 61L

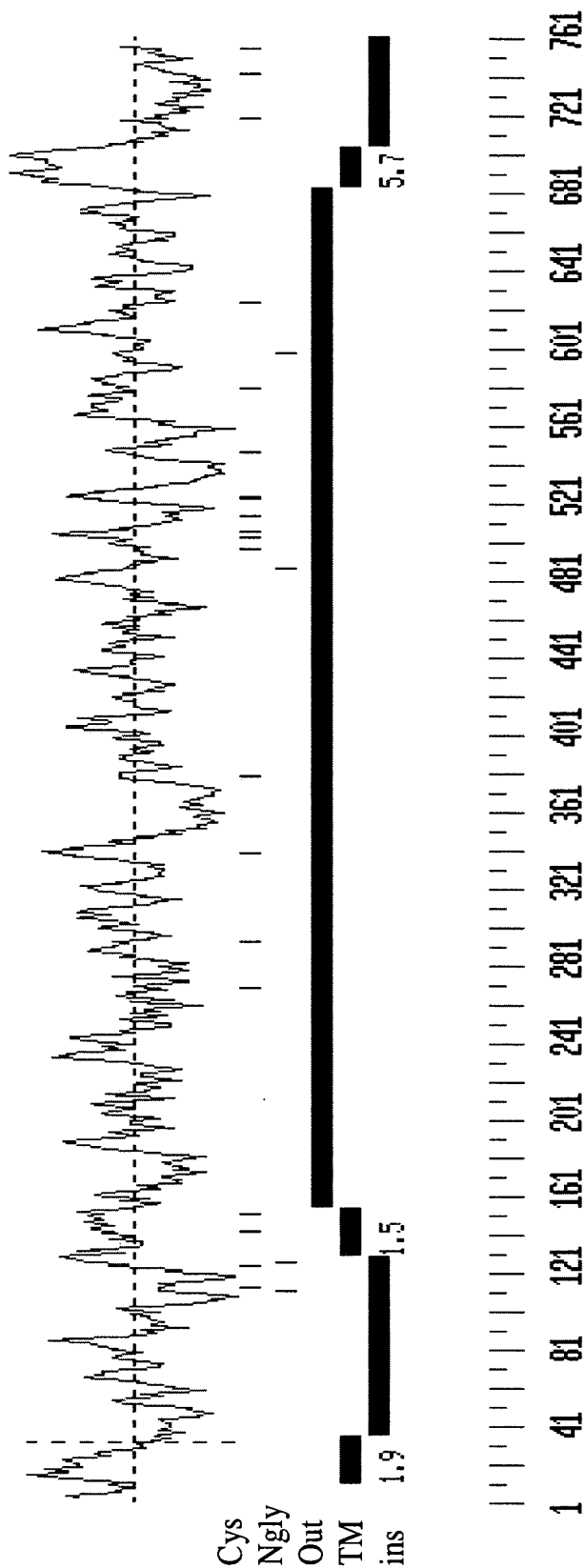


Fig. 62

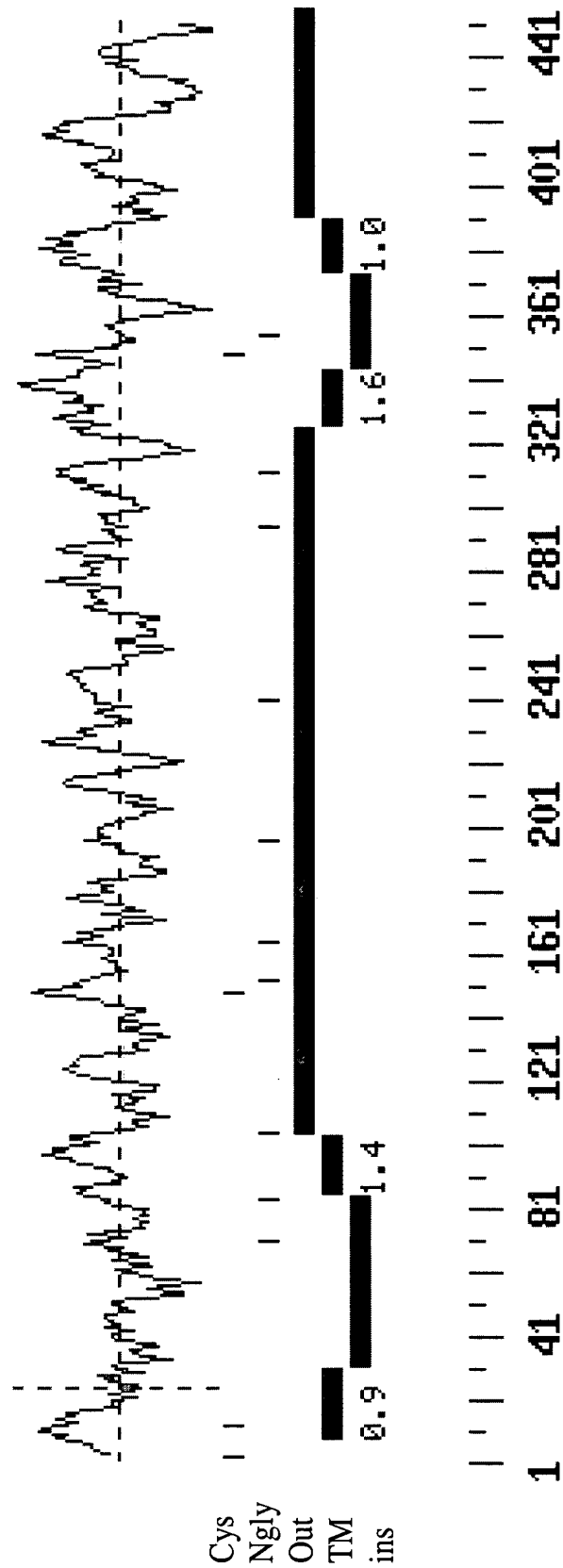


Fig. 63

```

10      20      30      40      50      60
286 MCTKT-IPVLWGCFL-LWNLYVSSSQTIYPGIIKARITQRALDYGVDAGMKMIEQMLKEKKLPDLGSES
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI MARGPCNAPRWVSLMVLVAIGTAVTAAVNPGVVVRISQKGLDYASQQGTAALQKELKRIKIPDYS--DSF
10      20      30      40      50      60
70      80      90      100     110     120     130
286 EFLKVDYVNYNFSNIKISAFSPNTSLAFVPGVGIIKALTNHGTANISTDWGFESPLFVLYNSFAEPME--
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI KIKHLGKGHYSFYSMDIREFQLPSSQISMVNPVGLKFSISNANIKISGKWKAQKRFLKMSGNFDLSIEGM
70      80      90      100     110     120     130
286 -----KPI-----140     150
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI SISADLKLGSNPTSGKPTITCSCSSHINSVHVHISKSVGWLIQLFHKKIESALRNKMNSQVCEKVTNS
140     150     160     170     180     190     200
286 VKA-LNANLSTLEVLTKIDNYTLDDYSLISSPEITENYLDLNLKGVFYPLENLTDPPFSPVFLPERSN
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI VSSKLQPYFQTLPMVKIDSVAGINYGVLVAPPATTAETLDVQMKGEFYSENHHNPPPFAPPVMEFFAAHD
210     220     230     240     250     260     270
```

Fig. 64A


```

10      20      30      40      50      60      70
294 MLETLSRQWIVSHRMEMWLLILVAYMFQNRVNSVHMPTKAVDPEAFMNISEIIQHQQPCEEEYEVATEDG
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP M-----WLL---LTMASLISVLGTTTHGLFGKLH----PGSPEVTMNISQMITYWGYPNEEYEVVATEDG
      10      20      30      40      50

      80      90      100     110     120     130     140
294 YILSVNRIPRGLVQPKKKTGSRPVVLLQHGLVGGASNWISNLPNNSLGFILADAGFDVWMGNSRGNAWSRK
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP YILEVNRIPYGKKNSGNTGQRPVFLQHGLLASATNWNISNLPNNSLAFILADAGYDVWLGNRSGNTWARR
      60      70      80      90      100     110     120

      150     160     170     180     190     200     210
294 HKTLSDQDEFWAFSYDEMAREFDLPVINFILQKTGQEKIYVVGYSQGTMGFIAFSTMPELAQKIKMYF
.      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP NLYYSPDSVEFWAFSFDEMAKYDLPATIDFIVKKTGQKQLHYVGHVSQGTIGFIAFSTNPFLAKRIKTFY
      130     140     150     160     170     180     190

      220     230     240     250     260     270
294 ALAPIATVKHAKSPGTKFLLLPDMMIKGLFGKKEFLYQTRFLRQ-LVIYLCGQVILDQICSNIMLLLGGF
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HLP ALAPVATVKYTKSLINKLRFVPQSLFKFIFGDKIF-YPHNFFDQFLATEVCSREMLNLLCSNALFIICGF
      200     210     220     230     240     250     260
```

Fig. 66A

```
280      290      300      310      320      330      340
294 NTNNMMSRASVYAAHTLAGTSVQNILHWSQAVNSGELRAFDWGSETKNLEKCNQPTPVRYRVDRDMTVPT
    . . . : : : . . . : : . . . : : . . . : : . . . : : . . . : : . . . : : . . . : :
HLP DSKNFNTSRLLDVYLSHNPAGTSVQNMFWHTQAVKSGKFQAYDWGSPVQNRMHYDQSQPPYYNVTAMNVPI
    270      280      290      300      310      320      330

    350      360      370      380      390      400      410
294 AMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNEIIHLMQQEETNLSQGR
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HLP AVWNGGKDLLADPQDVGLLLPKLPNLIYHKEIPFYNHLDFIWAMDAPQEVYNDIVSMISEDKK-----
    340      350      360      370      380      390

    420
294 EAVL

HLP -----
```

Fig. 66B

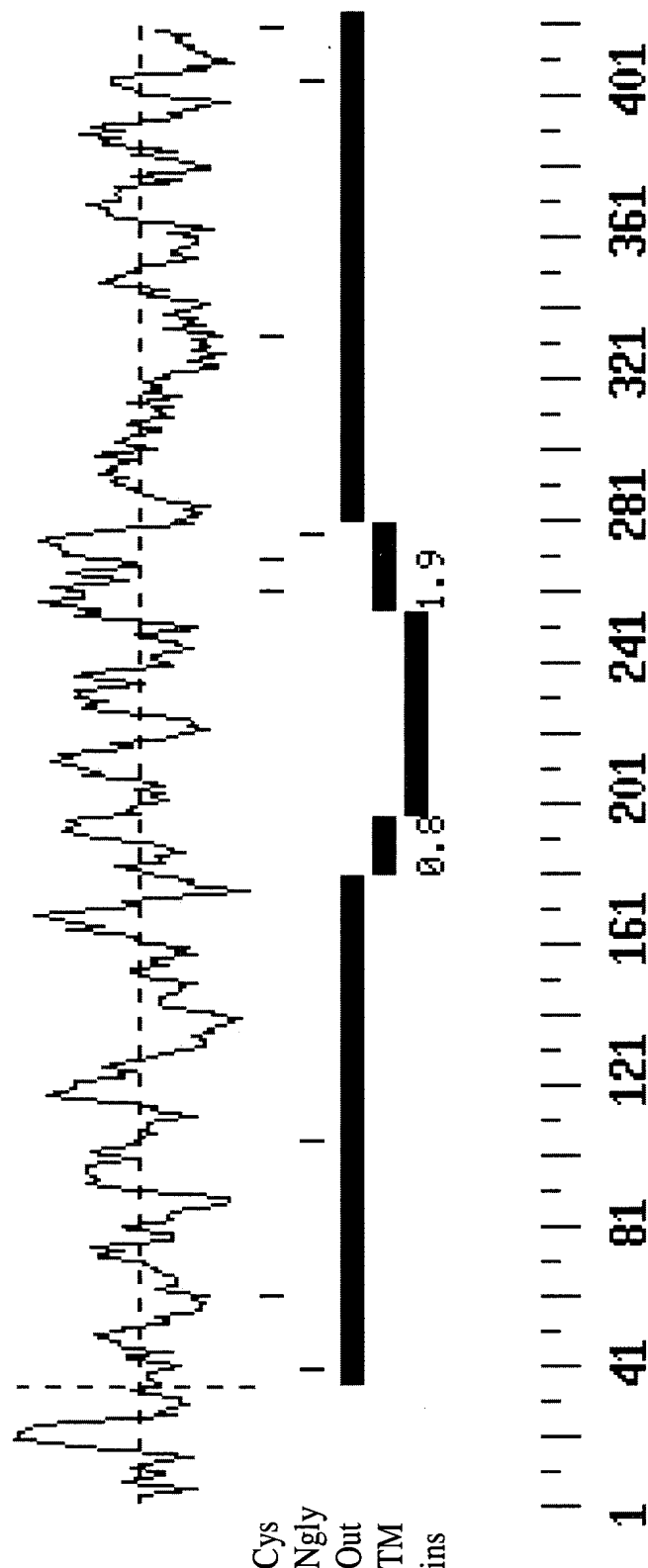


Fig. 67


```

10      20      30      40      50      60
294 MLETLRQWIVSHRMEMWLLILVAYMFQNVNSVHMPTK--AVDPEAFMNISEIIQHGGYPCPEEYEVATE
:      :...: . . . . : :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL M-----KMRFLGLVVCLVLWPLHSEGGGKLTAVDPETNMNVSEIISYWGFPSSEYLVETE
      10      20      30      40      50

70      80      90      100     110     120     130
294 DGYILSVNRIPRGLVQPKKTGSRPVVLLQHGLVGGASNWISNLPNNSLGFILADAGFDVWMGNSRGNAWS
:      :...: . . . . : :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL DGYILCLNRIPHGRKNHSDKGPVVFLLQHGLLADSSNWVTNLANSSLGFILADAGFDVWMGNSRGNAWS
      60      70      80      90      100     110     120

140     150     160     170     180     190     200
294 RKHKTLSDQDEFWAFSYDEMARFDLPVAVINFILQKTGQEKIYVVGYSQGTMTMGFIAFSTMPELAQKIKM
:      :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL RKHKTLSVSQDEFWAFSYDEMAKYDLPASINFILNKTGQEQVYVVGHSQGTITIGFIAFSQIPELAKRIKM
      130     140     150     160     170     180     190

210     220     230     240     250     260     270
294 YFALAPIATVKHAKSPGKTFLLLPDMMIKGLFGKKEFLYQTRFLRQLVIYLCGQVILDQICSNIMLLGG
:      :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL FFALGPVASVAFCTSPMAKLGRLPDHLLIKDLFGDKFELPQSAFLKWLGLGTHVCTHVKELCGNLCFLLCG
      200     210     220     230     240     250     260
```

Fig. 68A

```
280      290      300      310      320      330      340
294 FNTNNMMSRASVYAAHTLAGTSVQNILHWSQAVNSGELRAFDWGSETKNLEKCNQPTPVRYRVRDMTVP
    :: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
LAL FNERNLNMSRVDVYTTHTSPAGTSVQNMLHWSQAVKFKQAFDWGSSAKNYFHYNQSYPPPTYNVKDMMLVP
270      280      290      300      310      320      330

350      360      370      380      390      400      410
294 TAMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNIEIHLMQQEETNLSQGR
    :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
LAL TAVWSGGHDWLADVVDVNILLTQITNLVFHESIPWEHLDFIWGLDAPWRLLYNKIIINLMRKYQ-----
340      350      360      370      380      390

420
294 CEAVL

LAL -----
```

Fig. 68B

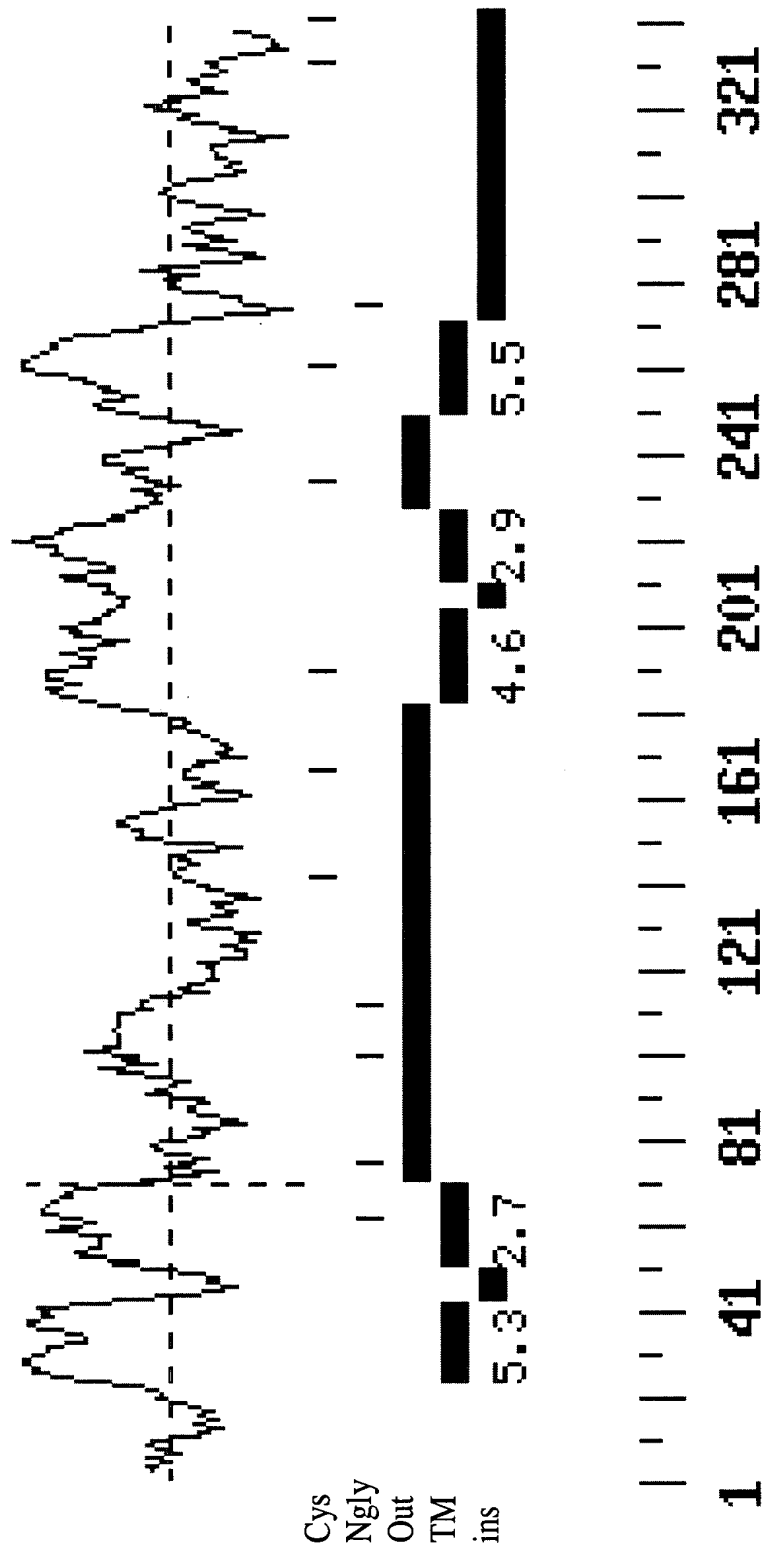


Fig. 69

```

10      20      30      40      50      60      70
296 MATLGHTFPFYAGPKPTFPMDTTLASIIIMFLTALATFIVILPGIRKTRLFWLLRVVTSLSFIGAAILAV
:   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
CRP M-RIAH-----ASSRGNI-----SIFSFLIPLIAYILILPGVR-RKRVVTTVTYVLMMLAVGGALIAS
10      20      30      40      50

80      90      100     110     120     130
296 NFSSEWSVGQVSTNTSYKAFSSEWISADIGLQVGLGGVNITL-----TGTPVQQQLNETIN--YNEEFTW
.   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
CRP LIYPCWASGSQMIYTFRGRHSNERILAKIGVEIGLQKVNVTLKFERLLSSNDVLPGSDMTELYYNEGFDI
60      70      80      90      100     110     120

140     150     160     170     180     190     200
296 RLGENYAECAKALEKGLPDPVLYLAEKFT-PRSPCGLYRQYRLAGHYTSAMLWVAFLCWLLANV-MLSM
.   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
CRP SGISSMAEALHHGLENGLPYPMLSVLEYFSLNQDSFDWGRHYRVAGHYTHAAIWFAFACWCLSVVLMFL
130     140     150     160     170     180     190

210     220     230     240     250     260
296 PVLVYGGYMLLATGIFQLLALLFFSMATSLTSPCPLHL---GASVLHTHHGPAF----WITLTGLLCVL
:   :   .   .   .   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
CRP PHNAYKS--ILATGISCLIACLVYL-----LLSPCELRIAFTEGTFERVDLTATFSFCFYLIFAIGILCVL
200     210     220     230     240     250     260
```

Fig. 70A

270	280	290	300	310	320
296	LGLAMAVAHRMQPHRLKAF	FNQSVDEDPMLEW-----	SPEEGLLSPRY--RSMADSPKSQD	IPLSEAS	
	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	
CRP	CGLGLGICEHWRIYTLSTF	LDDASLDEHVGPWKKKLPT	GGPALQGVQIGAYGTNTTN	SSRDKNDISSDKTA	330
	270	280	290	300	310
330					
296	STKAY-----CK-----	EAHPKDPD-----	CA-----L		
	: : :	: : :	: :		
CRP	GSSGFQSRSTCQSSASSA	SLRSQSSIETVHDEAELE	RTHVHFLQEP	CSSSST	
	340	350	360	370	380

Fig. 70B